

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

## OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 12:33:37 ; Search time 389.056 Seconds  
(without alignments)  
10211.524 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235  
Sequence: 1 gtgatacaataataataa.....caactatgatctgattaa 2235

Scoring table: IDENTITY\_NUC  
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 1303057 seqs, 888780828 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2606114

Minimum DB seq length: 0  
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Listing first 45 summaries

## Database :

Issued Patents NA: \*  
1: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/1 COMB.seq:\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/5 COMB.seq:\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/6 COMB.seq:\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/6 COMB.seq:\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/H COMB.seq:\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/PCTUS COMB.seq:\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/PP COMB.seq:\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/RE COMB.seq:\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/backfiles1.seq:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	381.4	17.1	3543	3	US-09-224-024-27
2	381.4	17.1	3543	6	PCT-US94-07902-27
3	221	9.9	2061	3	US-09-224-024-30
4	221	9.9	2061	6	PCT-US94-07902-30
5	92.6	4.1	3507	2	US-08-315-468-3
6	79.6	3.6	3444	2	US-08-349-867-22
7	79.6	3.6	3444	2	US-08-349-867-22
8	79.6	3.6	3444	2	US-08-239-476-22
9	79.6	3.6	3444	2	US-08-239-476-22
10	79.6	3.6	3444	2	US-08-598-305A-22
11	79.6	3.6	3444	2	US-08-598-305A-22
12	79.6	3.6	3444	2	US-08-639-923A-22
13	79.6	3.6	3444	2	US-08-639-923A-22
14	79.6	3.6	3444	2	US-08-639-923A-22
15	79.6	3.6	3444	6	PCT-US95-05431-22
16	79.6	3.6	3444	6	PCT-US95-05431-22
17	79.6	3.6	3450	2	US-08-349-867-20
18	79.6	3.6	3450	2	US-08-239-476-20
19	79.6	3.6	3450	2	US-08-598-305A-20
20	79.6	3.6	3450	2	US-08-639-923A-20
21	79.6	3.6	3522	6	PCT-US95-05431-20
22	79.6	3.6	3522	2	US-07-828-788A-9
23	79.6	3.6	3522	2	US-08-349-867-24
24	79.6	3.6	3522	2	US-08-349-867-28
					Sequence 24, Appl

25	79.6	3.6	3522	2	US-08-239-476-28	Sequence 28, Appl
26	79.6	3.6	3522	2	US-08-356-034-7	Sequence 7, Appl
27	79.6	3.6	3522	2	US-08-598-305A-24	Sequence 24, Appl
28	79.6	3.6	3522	2	US-08-598-305A-28	Sequence 28, Appl
29	79.6	3.6	3522	2	US-08-639-923A-24	Sequence 24, Appl
30	79.6	3.6	3522	2	US-08-639-923A-28	Sequence 28, Appl
31	79.6	3.6	3522	3	US-09-933-891-7	Sequence 7, Appl
32	79.6	3.6	3522	3	US-09-178-252-5	Sequence 5, Appl
33	79.6	3.6	3522	3	US-09-521-344-7	Sequence 7, Appl
34	79.6	3.6	3522	3	US-09-826-660-5	Sequence 5, Appl
35	79.6	3.6	3522	3	US-09-837-961A-7	Sequence 7, Appl
36	79.6	3.6	3522	6	PCT-US92-11337-9	Sequence 9, Appl
37	79.6	3.6	3522	6	PCT-US95-05431-24	Sequence 24, Appl
38	79.6	3.6	3522	6	PCT-US95-05431-28	Sequence 28, Appl
39	79.6	3.6	3522	6	PCT-US91-02560-1	Sequence 1, Appl
40	79.6	3.6	4020	6	PCT-US91-02560-1	Sequence 1, Appl
41	77.8	3.5	3504	3	US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl
42	77.8	3.5	3690	3	US-10-089-678-3	Sequence 3, Appl
43	77.2	3.5	1959	3	US-08-996-441B-13	Sequence 13, Appl
44	77.2	3.5	1959	3	US-08-993-722A-13	Sequence 13, Appl
45	77.2	3.5	1959	3	US-08-993-722A-13	Sequence 13, Appl

## ALIGNMENTS

RESULT 1  
US-09-224-024-27  
Sequence 27, Application US/09224024  
Patent No. 6056953  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Leslie Hinkle  
TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of  
NUMBER OF SEQUENCES: 31  
CORRESPONDENCE ADDRESSES:  
ADDRESS: David R. Saliwanchik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
CITY: Gainesville  
STATE: FL  
COUNTRY: USA  
ZIP: 32606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/09/224,024  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION:  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: 08/856,226  
FILING DATE:  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 904-375-8100  
TELEFAX: 904-372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3543 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
US-09-224-024-27  
Query Match 17.1%, Score 381.4, DB 3, Length 3543;  
Best Local Similarity 52.8%, Pred. No. 2.5e+68;



QY 2167 AATGCAATTTTTCACAAATCATACAAAATAATCTTTAATAATAGAAAGCCACAACTATGAT 2226  
Db 2092 AATGCAATTTTATGCAAAATCTATATAAAAAACACTTACAAATCGAACTTACAGATTATGAC 2151  
QY 2227 AATGCAATTTTAA 2235  
Db 2152 AATGATTCGA 2160

RESULT 2  
PCT-US94-07902-27

```
; Sequence 27, Application PC/TUS9407902
; GENERAL INFORMATION:
```

1 APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road  
2  
3 APPLICANT: City: San Diego  
4 APPLICANT: State/Province: California  
5 APPLICANT: Country: US  
6 APPLICANT: Postal code/zip: 92121  
7 APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991  
8 APPLICANT: Telex number:  
9 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of  
10 TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests  
11 NUMBER OF SEQUENCES: 31  
12 CORRESPONDENCE ADDRESS:  
13

```

1  COMPUTER READABLE FORM:
2
3  MEDIUM TYPE: Floppy disk
4
5  COMPUTER: IBM PC compatible
6
7  OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
8
9  SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
10
11 CURRENT APPLICATION DATA:
12
13 APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
14
15 FILING DATE:
16

```

```

1 CLASSIFICATION:
2
3 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
4
5 NAME: Saltwanchik, David R
6
7 REGISTRATION NUMBER: 31,79
8
9 REFERENCE/DOCKET NUMBER: M
10
11 TELECOMMUNICATION INFORMATION
12
13 TELEPHONE: 904-375-8100
14
15 TELEFAX: 904-372-5800
16
17 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:
18
19 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
20
21 LENGTH: 3543 base pairs
22
23 TYPE: nucleic acid
24
25 STRANDEDNESS: single
26
27 TOPOLOGY: linear
28
29 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
30
31 PCT-US94-07902-27

```

Query Match	17.1%;	Score	381.4;	DB	6;	Length	3543;
Best Local Similarity	52.8%;	Pred.	No. 2.5e-68;				
Matches 11/6; Conservative	0;	Mismatches	971;	Indels	82;	Gaps	13;

QY	12	TAAATATATAGAAATGAGATATGATTCAGAAAGAAATTATCTTATCCCTTCAAGAAA	71
Db	9	TTATCAAAATATAAATGAAATAGAAACAATTAAATGCTCCAAAAAAATTAATATATC	68
QY	72	TATTGATCATTCAGATACCCCTTACACAAATATCCAAATCCACCTTACAAACCAAA	131
Db	69	TATATATTATACAGATATCCCAATAGAAAAATATCTCCAAACAAATTATTACAAAGTACAA	128
QY	132	TTACAAAGATGGCTCAATATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGATTAATTTCCGAC	191
Db	129	TTATATAAGATTTGGCTCAATATGTGTCAACAGATACAGAGTATGTGGAGAAATTTTGAAAC	188
QY	192	ATTTCGTACTGCTGATACAAATTCGTCGACAGTTAGTGCAGGTACTAATTGTATCCGGATCTT	251

D	189	TTTATTTGAT-----AGTGGTAAC	TGAGCCGTAATCTATTTGAGTGGACCGT	239
Q	252	GTTAGCCGGTA	TAGGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGGAATATATGGTGCAT	311
D	240	ACTGACTGGT-----	TTGCGGTTCCAAACCCCTTAGACCTTGC	278
Q	312	AATAAATNCTTTGGTATCCCTAATCACTGTCCTTTGGCCCGCGGAGAAACAAC	CAAAAC	371
D	279	TTTAATAGGTTTTGGTATTAATTAACAGATGTCCTTTTCCAGCCCAAGACCAATCTAAC	338	
Q	372	AGTATGACACAATTTATTTAAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAAACA-GAA	430	
D	339	---ATGGAGTACCTTTATTAACAAACTAATAAATATTTATATAAAGAAATNGATCAAC	395	
Q	431	GCATPAAACAGCTTAAAGTTACAAACCTTGAAGGATTTAGCAAAATATTACAAAGCTATTA	490	
D	396	ATTATATAGTATGCTATATAAATTTTAAACAGGTCGTTTAAATGTATACAGCACTTATCA	455	
Q	491	ATACAGCACTTATGATTTGGAGAAATTTAAATAACATACAAAGCTCCGATATTACCACAT	550	
D	456	TAAATCACCTTAAACATGGGAGAAATATCCAAACCCCAAAATATCTAGATGTAAAGA-	514	
Q	551	CATCAGCATTAACAAGCTGCTGATCTTGAATCTTAATAATGCATTTGAGATGTCAATG	610	
D	515	---CACAATCCAGCTAGTTCATTAACCATTTTCCAAATGTATTCAGAGCTTGTAAACT	571	
Q	611	ATTTATTTGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACCTTATPAAACGTAATTACTACTTA	670	
D	572	CTTGTCCTCCATATCTAGTATGTC-----GATTAATAATCACTACTATATATCTA	625	
Q	671	TTTATGGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGCTAATTTGGCTG	730	
D	626	GTATATGCAACAGCAACAACTTAATCATCTGATCTATTAATCAAGCCGTCAAAATTTGAAAG	685	
Q	731	ATGATATGGAATGCAAGATATACATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATACAGAT	790	
D	686	CGTATTTAAACAACTGACAAATTCGATTTATTTAGAGCTTTGGCC--AAACGAAATGG	742	
Q	791	ACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATTAACCTAATATATAGTACATATGTGCAATAATCT	850	
D	743	ATTATATATCCAGTATGACTTAAGCTATAGAAAGTATACATATATTTGTGTAAACAATT	802	
Q	851	ATAGAGAGACATAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATAGATGAGATATATTTAATG	910	
D	803	ATTAATAAAGGATTAATTTAATTTAAATTAACGACGCTGATAGTAATCTTGATGGAATATTA	862	
Q	911	ATTATACGAAGTATATGACTATATCTGATATAGATACATATGCTCAATTTCTTTTATG	970	
D	863	ACTGAAACACATACAAATCGTATGAAACAAATAATGACTACGTCGTATTTAGATCTTGTTG	922	
Q	971	ATATPAAAGATACAAAGATTCAAATAGGAGAAATATAGTGGCAATTTAAACCTGAACCTTA	1030	
D	923	CACCTTTTCCATATTTATGATATAGTAAATATTCATATAGGTGTCAATCTGAACCTTACTC	982	
Q	1031	GAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTTGAACGTCCTTACTTAACCTTGAATTTCAACCA	1090	
D	983	GAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTCGAAGAAAGCCCTTAATAAATATATATAC	1035	
Q	1091	ATCTGCTATATATGGAATATATATTTAACAGCTTCAGGGCTTAGATATTTTCAATTTTNG	1155	
D	1036	TTTCAATATCAAGAGATTCACCTTACAGTGAACCGCATTTATTTTACCTTGCTGATTTCT	1095	
Q	1151	ATGAACCTATATTTTATACAAATAATGAAGATGATCGTATGTTAGTGTATATGCGA	1210	
D	1096	TTGAATTTTATGAAAGCGCAACCTACTCTATATATTTTTCACAGCACTTATATAT	1155	
Q	1211	ATCGTATATAGATCTATCTT-ATGCTATACAGAGAACTGAATATATATATAGAGAAAGAA	1265	
D	1156	ATGTTTCAATTAACACTTGTATATATATATCCAAATAATGATGTGTTTGGAAATCACAAT	1215	
Q	1270	GGTCAACCCCAACAAACTTTAATACCAATTTGAATCTATTAAGTTTCAATTTGTAACT	1329	





Db 404 TTAATGTAAGTCTT-----CTATCGTAACCTATATAAATCACTTGATTAATATC 457  
 Qy 494 CAGATTAAGATGATGAGAAATTTAAAGATCAAGCTCCGGATTACCACTATAT 553  
 Db 458 AAGATTTTTCGATTAATGAGGACGACAGCTACGCTTAATGCTAAACAGTA-CAT 516  
 Qy 554 CAGATTAACCAAGAGCTGCTTGAATCTTAAATATGATTAAGATTTGAGATTTGCAATGAT 613  
 Db 517 GATCTCTTACTACTTGAACCTATATATGATTAAGATTTGATTAATTTAAAA----- 571  
 Qy 614 TTAATGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACTTATTAACGCTATTAAGTACTATTT 673  
 Db 572 -----ATAATGCTAGCTATGAAATCAACACCTCCCTGAT 607  
 Qy 674 ATGGCAAGCTGCTTAATTTTCAATTTAATTTTAAACAAAGGCTGATTTGGCTATG 733  
 Db 608 ATGACAAATAGCTACCTGGCACTTGATTTTAAACATGCTGCTACCTATTAACATA 667  
 Qy 734 AATGGAATGAGATTAATCATCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGMACTCAGATGACT 793  
 Db 668 TATGGCTGCAAAATCAAGATTAATCAAGTACTTTAAT-----TCATCTAATTAAT 721  
 Qy 794 ATTAATTAATCTTTAAAGAAATATACCTAATATATAGTAACTATTTGCAATATCTATA 853  
 Db 722 ATCAGGGCTATTTAAAGTAAATCAAGATATATAGTAACTATTTGATTAACAAAGTACA 781  
 Qy 854 GAGAAAGCTAATTAATTAATTTGAAACGAACCTAATATGATGAGATTAATTAATGAT 913  
 Db 782 ATGAGAGCTAATCAATGATTAAGAACTAATTAACGAACATGGAATATGATTAATTAAT 841  
 Qy 914 ATCAAGATATATGATCTATTAATGATTAAGTAACTATGCTCAATTTTCTTTATGATA 973  
 Db 842 ACCGTTTGAATATGCTTAATGCTTAATGCTTAATGCTTAATTTTCAAAATATGAGCC 901  
 Qy 974 TAAAGATTAACAAATTAATTAAGTAAAGATGAGTAACTTAACTGAACTTACAGAG 1033  
 Db 902 CAGAAATA-----TCCAATGAGATTAATTAATGATTAATTTACAGAG 943  
 Qy 1034 AATTTTATCAACTGAAATTAATTTTGAACGCTTACTTACCTTGAATTTCAACCAATC 1093  
 Db 944 AAGTTTATACGAATGTTAATCAGATCAATTTAGAACATTAACGAACATGAA----- 996  
 Qy 1094 TCGCATATATGAAATATTAATTAACAGTTCAGGCTTATGATTTTCAATTTTATGATG 1153  
 Db 997 -----AATGATTTAATCAAGAAATCTCAATATTTAATTTGATTAATCC 1039  
 Qy 1154 AACTTATTTTATCAAAATTAATGAACGTAACGGAAATCGTTTATGTTGATTTGGAATC 1213  
 Db 1040 AAGGGCGTTTTCACAGAAATTTCTCGAGACATTTCTGATCTTATATATATTTTCTT 1099  
 Qy 1214 GTAATAGATCTAATTTATGACAGAGAACTGAAATTAATATGAGAAAGAAACAGGTC 1273  
 Db 1100 TTAACAGTAACAGATGCTTTTACACATTAATGATGACAAATTAATCTGGGAG 1159  
 Qy 1274 CACCAACAAACAACTTAATACATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 1333  
 Db 1160 CGGTTCAATGACATTAATTTCTCAAGACACATTCAAAGATTTCTTTTATTAAGAA 1219  
 Qy 1334 GACAAGTACTCTAATTTTCCCTTTTCTTAACATTAATTTTCAATTAATTAATTAATTA 1393  
 Db 1220 AACTTATGATTAAGTGAATTTGACAGATTAAGTACTGATTAATTAATTAATTAATTA 1279  
 Qy 1394 TTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1453  
 Db 1280 TGAATTTTTCGAAATGACAGTGAATTTGATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTT 1339  
 Qy 1454 ATGATTAATTAATTAATTAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTT 1513  
 Db 1340 ATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCA 1399  
 Qy 1514 ATCCAAATTTGTTTCAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATCCAGTTTCTT 1573  
 Db 1400 ATGGCTACTACTATCGATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCT----- 1445

Qy 1574 TTAATTAATCCTAATAAATGATTAAGGCTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1633  
 Db 1446 -----AGTATTAAGAAAGAAAGAGTTCATTTTATTT 1480  
 Qy 1634 GACACACAGTATGTTAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1693  
 Db 1481 GACACACAGTATGTTAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1540  
 Qy 1694 CAGCAATCAAGTATGTTAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1753  
 Db 1541 ACGCTTAATAAGCTTGAAGGTAATTTCTGATTTGAAATTTGTAAGGCTCTGTCACA 1600  
 Qy 1754 CAGGAGAACTGTTAATTTAATTAAGTCAAGGCTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTA 1813  
 Db 1601 CAGGTGAGACTGTTAATTTAATTAAGTCAAGGCTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTA 1660  
 Qy 1814 CTAATTTCAACATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1873  
 Db 1661 ATGTTTCTGACAA-----TATCAATGATTAATTTCTGATTAATTTGATTAATTTTAA 1717  
 Qy 1874 CTCTTCTAATTAATTTCTTCAATTAACAGAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1933  
 Db 1718 CAGTA--TTCTTAACCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1775  
 Qy 1934 ACAACATTTTCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1993  
 Db 1776 CCAAAAC-----CAAATGCTACAGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1825  
 Qy 1994 AATTTCAAGTACAGT-----AACATTAACCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2044  
 Db 1826 CATTTCAAGACGTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1885  
 Qy 2045 TTAATGCGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2104  
 Db 1886 TATATGATGACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1945  
 Qy 2105 TTAATGCTGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2164  
 Db 1946 TCATCAATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2005  
 Qy 2165 TTAATTAATTTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2210  
 Db 2006 TGAATGATTAATTTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2051

RESULT 4  
 PCT-US94-07902-30  
 Sequence 30, Application PC/TUS9407902  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road  
 APPLICANT: City: San Diego  
 APPLICANT: State/Province: California  
 APPLICANT: Country: US  
 APPLICANT: Postal code/Zip: 92121  
 APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991  
 APPLICANT: Title of Invention: Materials and Methods for the Control of  
 NUMBER OF SEQUENCES: 31  
 CORRESPONDENCE ADDRESSES:  
 ADDRESS: David R. Saliwanchik  
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 CITY: Gainesville  
 STATE: FL  
 COUNTRY: USA  
 ZIP: 32606  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 COMPUTER: IBM PC compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION:  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: NA79  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 904-375-8100  
TELEFAX: 904-372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 30:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 2061 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
PCT-US94-07902-30

Query Match 9.9%; Score 221; DB 6; Length 2061;  
Best Local Similarity 49.4%; Pred. No. 9.4e-36;  
Matches 1090; Conservative 0; Mismatches 942; Indels 174; Gaps 13;

QY 14 ATATATATGAAATGAGATTATCGATTCAAGAATTATATCTTATCTTACAGAAATA 73  
DB 11 ATCAAAATAGAAATGAAATATGAAATATTCATGCTCCATCCAAATGTTTAGCAAGTCTA 70  
QY 74 TTGATCATCTAGATACCTTACACAATATATCCAAATCAACCTTACAAACCAAAATT 133  
DB 71 ATATATCTTTTATGATATCCATTAGCAAAATAGCCAAATTCACCTGAAACCAAGCAATT 130  
QY 134 ACAAGAGTGGCTCAATATATGTCAGAGGAATACAAATATGATATATTTCCAGACAT 193  
DB 131 ACAAGAGTGGCTCAATATGTCAGAGGAATATGCAATATGCAATATGCGGGAAATT 190  
QY 194 TTGATGATGCTGATACCAATTCCTGCAATGATGATGATGATATCCGATCTCTGT 253  
DB 191 TTGATGATGCTGATACCAATTCCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 250  
QY 254 TAGCCGGTATAGAGTGGCTCACTTCTATATCCGAGCCGATAGAAATATAGTGTCTATA 313  
DB 251 TAGAGCTTTTGTCTGCCCC-----CTGTCTTACCTGCAAGTA 286  
QY 314 TAAATATCTTTTGTGACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCGCGGAGAAACAAGCAAAAAG 373  
DB 287 TAAATATCTTTTGTGACCTTGTGTGCGATCTTTGGCAAGATCTGACCCG---CAATG 343  
QY 374 TATGACACAAATTTATTAATATGAGAAATTTTGTGATACCGCTTAACAGAAACA 433  
DB 344 TTGCGCAGATTTGTATAACATCGAGAGAGGCCCTATACAAGAATATGATTAACATATA 403  
QY 434 TAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGGATTTAGCAAAATTTTCAAAAGCTATATA 493  
DB 404 TTAATGATCTACTT-----CTATCTTACACCTATTAATAAATCAACTGATTAATATC 457  
QY 494 CAGCATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGACTCAAGCTCTGATTAACCAACATCAT 553  
DB 458 AAGAAATTTTGTGATTAATGAGAGCCAGCAGCAGTACACGCTAATGCTAAAGCACTA 516  
QY 554 CAGCATTTACAAAGCTGCTTGAATCTTAAATATGATTTGAGATGTTTCAAGTAT 613  
DB 517 GATCTCTTTTACTACTTGAACCTATATATGATTAATTAATGATTAATGATTAATTA 571  
QY 614 TTAATGAGAAATCTGTTTCCAACTTGAACCTTAAATTAAGCTTATTAATCTATTT 673  
DB 572 -----ATAATGCTACTATCGAATACCAACCTCTCTCAT 607  
QY 674 ATGGCAGAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGGCTATG 733  
DB 608 ATGACAAATATAGCTACTTTGGCACTTGAATTTATTAACAAGAGTGTCTTACATTAACA 667  
QY 734 AATGGAATGAGATATATATCTTTCACAAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACT 793

DB 668 TATGGTGCAGAAATCAAGGATTAATTCAGATCTTTCAT-----TCATCTAAATTACT 721  
QY 794 ATATATAACTTTTAAAGAAAT 853  
DB 722 ATACAGGCTATTTAAACGTAAATATCAAGAAATATATATATATATATATATATATAT 781  
QY 854 GAGAAAGCTAATTAATTAACCTTGCAGAACCACTAATATGATGATGATATATTAATGATT 913  
DB 782 ATCAGAGACTAATCTATGATTAAGATATATATATATATATATATATATATATATATAT 841  
QY 914 ATGGAAT 973  
DB 842 ACCGTTTGAAGAGCTTACATGATGATATATATATATATATATATATATATATATATAT 901  
QY 974 TAAAGAGATCAAAAGATTCATATGAAAGATATAGTGGCATTTAAATGAACTTACAGAG 1033  
DB 902 CAGAAAATTA-----TCGAATAGGAGTTAAATCTGAACCTTACAGAG 943  
QY 1034 AATTTATACACTGAAATTAATTTTACCGTCTTACCTTACCTTGAATTCACCCAAATC 1093  
DB 944 AAGTTATATGAAATGTTAATTCAGATATCAATTTGAACCAATTAACAGAACTAGAA----- 996  
QY 1094 TCCCTAATATGAAATTAATTTTACACGTTTCAAGGCTTATGATTTTCAATTTTAGATG 1153  
DB 997 -----AATGATTAATCTAGAAATCTTCAATTTTACTTGGATTAAC 1039  
QY 1154 AACTAATTTTATTAACAAAATTAATGAACGTAACGGAATGTTAGTTGGATTCGCAATC 1213  
DB 1040 AAGGGCTTTTATACAGAAATTTCTGAGACATCTTATCTTATGATATTTTCTT 1099  
QY 1214 GTAATGATCTACTTATATGCTACAGAGAACTGAATTAATATATATGAGAAAGAACAGTTC 1273  
DB 1100 TTACAGTAAACAGATGGCTTTTACATATATATATATATATATATATATATATATAT 1159  
QY 1274 CACCCAAACAAAACCTTAT 1333  
DB 1160 CGGTTATATGACATTAATTTTCTCAAGACATCAACAAAGTATTTCTTTTATATAGAA 1219  
QY 1334 GACAAATGCTCTACTTCCCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 1393  
DB 1220 AACTATATGATATAGTGTGAAATTTGTGACATATGAGATCTGATATATATATATAT 1279  
QY 1394 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1453  
DB 1280 TGAATATTTTGTGATGAGAGTGAATTTTGTGATATATCACTCAATTAACAATAGAA 1339  
QY 1454 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1513  
DB 1340 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1399  
QY 1514 ATCAAAATGTTTACCAAGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1573  
DB 1400 ATGCTATCTATATGATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1445  
QY 1574 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1633  
DB 1446 -----AGTATGAGAAAGAAAGAGTTGCAATTAAGTT 1480  
QY 1634 GGAACACAGTATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1693  
DB 1481 GGAACACAGTATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1540  
QY 1694 CAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1753  
DB 1541 ACCTCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1600  
QY 1754 CAGAGGAAATCTGTTTATTTAACAAGTCAAGGCGTTTGAAGATTAACATGATGAATC 1813  
DB 1601 CAGGTGAGAGCTTGTATATTTTAAAGATATATATATATATATATATATATATATATAT 1660  
QY 1814 CTATTTTACACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1873

Db	1661	ATGTTCTTCGAACA---TATCAAGTAGCTATTCCGTATAGCTAATAAGCTCCAAAGAACA	1717
Qy	1874	CTCTTCCTTAATATATCTTTACAAATACCAAGAGTATATGGAAATACCACTTGACACTCA	1933
Db	1718	CAGTA--TTCTTAAACCGGATAGATATCATATAGTGTGAGCTCCTCTAGTACCACTTCCCG	1757
Qy	1934	ACAAACACTTTTTCGTGTACAAATTAATAATTAATCAATACGAGACTTTGGGTATTTCC	1993
Db	1776	CGAAAAC-----CGAATGCATACAGATTTAACATATGACAGATTTTGGAATGTAA	1825
Qy	1994	AATTTCCAAGTACAGT-----AACATTACCTTTTAATATCGAAACAATACCATTATAT	2044
Db	1826	CATTTCCAGAAACAGTTCCCAATATAAACATTGGAAGGAAAGACCTTTAATATGACCT	1885
Qy	2045	TTPAATCGTGAGATGTATCAAATTCATTTTAATCATTTGATPAAATTGAAATTATACCA	2104
Db	1886	TATATGTGTACCAAAATCATTCATATATATATATATATGACAAATATGAAATTTATCCAA	1945
Qy	2105	TTACTTCTCTGTACGCCAAATATAGAGAAAAACAAAATTGGAACTATCCAAACAAAA	2164
Db	1946	TCACCTCAATCTGTATTAGATTATACAGGAAGCAAAATATGAAAAAACAAGAAAAATAG	2005
Qy	2165	TAAATACATTTTTTCACAAAATCATACAAAAATACCTTAAATATAGA	2210
Db	2006	TGAATGATTTATTTGTTAATPAAACAAGTCTTACTPAAATAGA	2051

RESULT 5  
 US-08-315-468-3  
 Sequence 3, Application US/08315468  
 Patent No. 5554534  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Michaels, Tracy Ellis  
 APPLICANT: Poncerada, Luis  
 APPLICANT: Narva, Kenneth E.  
 TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Scarb Pest  
 TITLE OF INVENTION: with Bacillus thuringiensis Isolates  
 NUMBER OF SEQUENCES: 6  
 CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 CITY: Gainesville  
 STATE: FL  
 COUNTRY: USA  
 ZIP: 32606  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 COMPUTER: IBM PC Compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
 CURRENT APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/315,468  
 FILING DATE:  
 CLASSIFICATION: 424  
 PRIOR APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/014,941  
 FILING DATE: 01 FEB 1993  
 APPLICATION NUMBER: 07/828,430  
 FILING DATE: 30-JAN-1992  
 PRIOR APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: 07/808,316  
 FILING DATE: 16-DEC-1991  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Saliwanchik, David R.  
 REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: M473.C2  
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: 904-375-8100  
 TELEFAX: 904-372-5800  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 3507 base pairs  
 TYPE: nucleic acid  
 ?

```

1 STRANDEDNESS: double
2
3 TOPOLOGY: linear
4
5 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
6
7 HYPOTHETICAL: NO
8
9 ANTI-SENSE: NO
10
11 ORIGINAL SOURCE:
12
13 ORGANISM: Bacillus thuringiensis
14
15 STRAIN: kumamotoensis
16
17 INDIVIDUAL ISOLATE: 50C
18
19 IMMEDIATE SOURCE:
20
21 LIBRARY: LambdaGEM-11(tm) library of L. Foncerrada
22
23 CLONE: 50C(b)
24
25 US-08-315-468-3

```

Query Match	4.1%;	Score 92.6;	DB 2;	Length 3507;
Best Local Similarity	44.7%;	Pred. No. 1.3e-09;		
Matches	683;	Conservative	0;	Mismatches 784; Indels 60; Gaps 6;
Qy	579	TCCTTAAATATGAGATTGAGATGTTTCAATGATTTTATTTCGAAATTAACCTGGTTTCA	638	
Db	504	TGTTGGAATCGATTTTGAATCCGTGATGTTTATTACCAATATATGTCATCTTTTCG	563	
Qy	639	ACTTGAACCTATTAACGCTATTACTACTATTATTCGCCAAGCTCTAATTTTCATT	698	
Db	564	AGTACAAATTTTGAATGATACATTCCTTACAGTATATACAAATGACCAACCTACATTT	623	
Qy	699	AAATTTTATCAACAAAGTGTGATTTGGCTGATGATGATGAAATGACATATACCTTC	758	
Db	624	ACTTTTATTAAGGAGCCATCAATTTTGGAGAAAGATGG-----	663	
Qy	759	ACAAATGGAACCTATGCTGGACATGATGACTATTATTAACCTTTTAAAGAAATAT	818	
Db	664	-----GGATGTCTTCAAGCACTATTAATTAATCTATATATGTCMAAATGAAACTTAC	716	
Qy	819	ACCTAATATATAGTATCTATTGTGCAAAATCCTATAGAGAAAGCACTAATTAACCTCGAA	878	
Db	717	TGCGAATATTTCTACCACTGTGTAAAGTGTATGAAACGTGTTAGCAAAATTTAAAG	776	
Qy	879	CGAACCTAATATGAGATGAGATATTTAATGATATTCGAAGATATATGACTATTCGT	938	
Db	777	CTCAGAGGCTAATCAATGATATTCATTAACCAATTCCTGAGAAATGACATGACGT	836	
Qy	939	ATTGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATACAAAGTTCAATAG	998	
Db	837	GTATAGAGTGTGTGCATTAATTTTCAACCTATGATACGCGT-----ATCCACTGGC	890	
Qy	999	AAGATAGTGTGACTTAAACTGAACTTACACAGAAATTTATCACTGAAATTAATTT	1058	
Db	891	AACAAAGCTCAGCTTCAAGAGGAATATATACAGATCACTGGCGGTATGATGCGC	950	
Qy	1059	TGACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCAATCTGCTATATATGGAATATTAATTAC	1118	
Db	951	TAAATTTGGCTCCCGGTATGACAAAGCACTTCTTCTCAGAAATTAAGAAAGCGGTAT	1010	
Qy	1119	ACGTTACGGGCTTATGATTTTCAATTTTATGATGAACCTATATTTTATCAAAAAATGA	1178	
Db	1011	TCTGTCCACTCTCATG---TGTTTATTTATATACGGGACTCAGCTTTATACAAAAAACG	1067	
Qy	1179	AACGTACGGGAATGTTAGTGTGATTTGGAAATCGTATATAGATCTATCTTATGCTACGAC	1238	
Db	1068	TAGCTTCACT--TCTGATCGTTATATAGATATTTGGGCTGGTCACTCAATTAAGCTATVAG	1125	
Qy	1239	AGGAACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACAGTTCACCAACAAACCTTTATATATCC	1298	
Db	1126	CATATCGGTACGAGTAGTACTCTTACACAGATGATGAAACCAATCAAAATTTACAAAGT	1185	
Qy	1299	ATTGGAATCCATTAAGTTTCAATTTGTACTGATAGCAAGTATACCTCTACTTCCCTTT	1358	
Db	1186	ACTGACAAATTTGATTTTAAAGAAATGACATATTTACAAAGCTTATCAAAATGATGACAT	1245	
Qy	1359	TCTTAACATATCTTTTACATTAATCAAAATTTGAACCTTATTTAATATATTCACCTAGTAA	1418	
Db	1246	CTCTTGATATATAGTTTACCTCGTTATATCGATATCAATTTTGGATATGCCAAACCGAG	1305	

```
QY 1419 TAAATTACATTCAGCTGGGGGAAATTATCTAATGATAAAAAAACAATGATTTCA 1478
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1306 TTTTATATGTAATCAATTAATCAATCAAGAAAGCGTTAAGTAAACGAGCTTCC 1365
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1479 ATTTCCGTAAAAAAGCTGTAAACCAATTAATCAAAATGTTTACCAACTTAA 1538
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1366 AA---AGATATTAATGATCGACAGAGATTCGAAATTAAGATTCCTCCAGAACTTC 1421
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1539 TAGTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTTATTAATTAATCTATAAATTTGAGT 1598
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1422 AGGTCAACCAATTAACAGATCATATACCAATAGTTAGTCAATTAATTTATCTC 1481
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1599 AGGCTAAATATATATATACAGGTGATTAAGATGACACACAGTATGTTAATAGAA 1658
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1482 CAGTTCAACTAGCAAGTATGATCTGATTTTCTTGACACATCGAGTCAAGATCTAAC 1541
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1659 TAATGCAATATCATTAATAATTAATCAATGATCCCAAGCAATCAAGTAAAGTCTTGA 1718
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1542 AATATACGTTAAAGTGGCGAAATCACCAATACAGGGGGCAAGTCTAGCACCAATAGG 1601
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1719 TACAACTTAAGTAATTAAGACCTGGTCATACAGAGAACTTGTTTATTTACA 1778
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1602 CAGAAATATCTTATATATAAAGGCGTGGTTATACAGGGGAGACTTAAGTGGCTTTAC 1661
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1779 AAGTCAAGGCGTTAAGATTAATCATGTAGAACTCTTAATTTCAACAATCTTATTAAT 1838
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1662 GACCCGATCGAAGTGTGAGTTTCAGATGATCTTTCAGAGTCAAGATTCGCTAT 1721
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1839 TAGACTGATAGCTCAAAATGCTGCGAAATACCTTCCTATATATCTCTTAAT 1898
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1722 TCGATTCGTAACGCTCTTATGAATCAAGTTATA-----TTAGTTT 1763
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1899 ACCAGAGTATAGAAATACCACTCAACGCTCAACAACCTTTTCTGGTCAAAATTA 1958
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1764 ATACGAGCTAAACCAAGCGGAACTTTAAATTTCAACAGCAATCTTATATAAATGA 1823
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1959 TAATATTTACATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTAACCTTACC 2018
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1824 AATATGATTTAACAATATATGATTTCAATATATGAAATATCAAGAGTCAATTCAGTAAA 1883
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 2019 TTTAAATCGAAACATACATTTATTTAATTCGCGAGATGTATCAAAATTCATTTAAT 2078
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1884 TCGTCTTCAACATACAGAGTATCTATATAGGTATACAAACGATACAAATTTATTTAT 1943
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 2079 CATGTATAAATGAAATTTATACCAAT 2105
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1944 TTTAGACGAATGAATTCATCCAGT 1970
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
```

RESULT 6  
US-08-349-867-22  
; Sequence 22, Application US/08349867  
; Patent No. 5508264

GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Bradfisch, Gregory A.

APPLICANT: Thompson, Mark

APPLICANT: Schwab, George E.

TITLE OF INVENTION: No. 5508264e1 Pesticidal Compositions

NUMBER OF SEQUENCES: 34

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: FL

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

```
APPLICATION NUMBER: US/08/349,867
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 514
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Saliwanchik, David R.
; REGISTRATION NUMBER: 31,794
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MAB6
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 904-375-8100
; TELEFAX: 904-372-5800
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 3444 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-349-867-22
```

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```
QY 586 ATACGATTTGAGAAATCTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGA 645
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 388 ATTCGATTTGCTAATACAGACGCTTAATTAACGATTAATTAATTTTACACTTACA 447
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 646 ACTATTAACGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 705
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 448 AGTTTGAATATCCCTTTTATATGATCTATATGTTCAAGGCGCAATTTTACATTA 507
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 706 TTAACAACAGTGTGTAATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 765
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 508 TTAAGAGACGCTGATATGTTTGGGAGGCTGGGAGCTGATATATATCTATTAAT 567
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 766 GAACCTAATGCTGAACATCAATGATGATTAATTAATTTTAAAGAAATATATCTTAA 825
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 568 C-----ATTATTAATGATTAATTAATCTTATCTTACATA 600
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 826 TATAGTATATGTCATAATCTATAGAGAAAGCTAATTAATCTGAAACGAACCT 885
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 601 TATACGAACATTTGTTGACACATCAATCAAGATTTGAAACCTTAAGAGTACTAAT 660
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 886 AATATGATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 945
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 661 ACTGACATGAGGCAAGATTCATGATTAAGAGAGATTTAACACTTACTGATTAAGAT 720
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 946 ACTATGCTCAATTTTCTTTATGATTAATTAAGATTA 983
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 721 ATGTTGCTCTTTTTCGAACATGATGTTAGAACATA 758
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
```

RESULT 7  
US-08-349-867-26  
; Sequence 26, Application US/08349867  
; Patent No. 5508264

GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Bradfisch, Gregory A.

APPLICANT: Thompson, Mark

APPLICANT: Schwab, George E.

TITLE OF INVENTION: No. 5508264e1 Pesticidal Compositions

NUMBER OF SEQUENCES: 34

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: FL

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25  
 CURRENT APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/349,867  
 FILING DATE:  
 CLASSIFICATION: 514  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Saliwanchik, David R.  
 REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86  
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: 904-375-8100  
 TELEFAX: 904-372-5800  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 3444 base pairs  
 TYPE: nucleic acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 US-08-349-867-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
 Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;  
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

Qy	586	ATACGATTGGAAGTTCACAGATGATTTATGCGAATAATCTCGTTCCAACTTGAA	645
Db	388	ATTGATTGCTAAATACAGACGCGTTAAATACAGCAATAAATTTTACACTTACA	447
Qy	646	ACTTATAAAGCTATTACTACTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTAAATTTA	705
Db	448	AGTTTGAATCCCTCTTTATCGTCTATGTTCAAGCGGGAATTTACATTACACTA	507
Qy	706	TTACAACAAGTGCTGAATGCGCTGATGATGAATGAGATATACATCTTCACAAAT	765
Db	508	TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGGAGGTTGGGAGCTGATATATGCTATGTAAT	567
Qy	766	GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATCTATTTAAACTTTTAAAGAAATATACCTAA	825
Db	568	C-----ATTATATATAGATTAATTAATCTTATATGTA	600
Qy	826	TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTAAATTAACCTGGAAGAACT	885
Db	601	TATAGAAACATTTGTTGGACATACATCAAGATTTAGAAAATTAGAGGTAAT	660
Qy	886	AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATGACTATTAATAGAT	945
Db	661	ACTGCAATGGGCAAGTTCAATCAGTTAGAGAGATTTAACTTACTATTAAT	720
Qy	946	ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA	983
Db	721	ATCGTGTCTTTTCCGAACTACGATGTAGAACATA	758

RESULT 8  
 US-08-239-476-22  
 Sequence 22, Application US/08239476

Patent No. 5527883  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Thompson, Mark  
 TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
 TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
 NUMBER OF SEQUENCES: 34  
 CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 CITY: Gainesville  
 STATE: Florida  
 COUNTRY: USA  
 ZIP: 32606  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25  
 CURRENT APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/239,476  
 FILING DATE:  
 CLASSIFICATION: 435  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Saliwanchik, David R.  
 REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83  
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: (904) 375-8100  
 TELEFAX: (904) 372-5800  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 3444 base pairs  
 TYPE: nucleic acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 US-08-239-476-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
 Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;  
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

Qy	586	ATACGATTGGAAGTTCACAGATGATTTATGCGAATAATCTCGTTCCAACTTGAA	645
Db	388	ATTGATTGCTAAATACAGACGCGTTAAATACAGCAATAAATTTTACACTTACA	447
Qy	646	ACTTATAAAGCTATTACTACTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTAAATTTA	705
Db	448	AGTTTGAATCCCTCTTTTATCGTCTATGTTCAAGCGGGAATTTACATTACACTA	507
Qy	706	TTACAACAAGTGCTGAATGCGCTGATGATGAATGAGATATACATCTTCACAAAT	765
Db	508	TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGGAGGTTGGGAGCTGATATATGCTATGTAAT	567
Qy	766	GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATCTATTTAAACTTTTAAAGAAATATACCTAA	825
Db	568	C-----ATTATATATAGATTAATTAATCTTATATGTA	600
Qy	826	TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTAAATTAACCTGGAAGAACT	885
Db	601	TATAGAAACATTTGTTGGACATACATCAAGATTTAGAAAATTAGAGGTAAT	660
Qy	886	AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATGACTATTAATAGAT	945
Db	661	ACTGCAATGGGCAAGTTCAATCAGTTAGAGAGATTTAACTTACTATTAAT	720
Qy	946	ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA	983
Db	721	ATCGTGTCTTTTCCGAACTACGATGTAGAACATA	758

RESULT 9  
 US-08-239-476-26

Sequence 26, Application US/08239476  
 Patent No. 5527883  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Thompson, Mark  
 TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
 TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
 NUMBER OF SEQUENCES: 34  
 CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 CITY: Gainesville  
 STATE: Florida  
 COUNTRY: USA  
 ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08/239,476  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION: 435  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (904) 375-8100  
TELEFAX: (904) 372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3444 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
US-08-239-476-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 586 ATAGATTGGAGTGTGCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAA 645  
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGACGCTTAAATACAGAAATTAATTTTACCTTACA 447  
QY 646 ACTTATAAAGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAAATTTTCAATTAATTTA 705  
DB 448 AGTTTGAAATCCCTCTTTTATCGCTATGTTTCAAGGGCGAATTTACATTTATCATA 507  
QY 706 TTACAACAAGTGTGTAATGGCTGATGATGAAATGCAATATACATCTCTTCAAAATT 765  
DB 508 TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGGCAAGGCTTGGGACTGATATAGCTACTGTTAATAT 567  
QY 766 GAACCTATGCTGGAACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAGAAAATATACCTAAA 825  
DB 568 C-----ATTATATAGATTAAATAAATCTTATTCATAGA 600  
QY 826 TATAGTAATCTATTGTGCAATATCTATAGAGAAGACTAATAAATCTTGAAGAACT 885  
DB 601 TATCGAAACATTTGTTTGACACATACATCAAGGATTGAAACTTAAAGGTAAT 660  
QY 886 AATATGAGATGAGTATATTTAATGATTATCGAAAGATATATGACTATTTCTGATTAAT 945  
DB 661 ACTGCAATATGGGCAAGATCAATCACTTAGAGAGATTTAACTTACTGATTAAT 720  
QY 946 ACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATTAAGAGATA 983  
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTAGATGTTAGAACATA 758

RESULT 10  
US-08-598-305A-22  
Sequence 22, Application US/08598305A  
Patent No. 5827514  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.  
APPLICANT: THOMPSON, Mark  
APPLICANT: SCHWAB, George E.  
TITLE OF INVENTION: No. 5827514e1 Pesticidal Compositions  
NUMBER OF SEQUENCES: 38  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: Saliwanchik, Lloyd & Saliwanchik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
CITY: Gainesville  
STATE: FL

COUNTRY: USA  
ZIP: 32606-6669  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patentin  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08/598,305A  
FILING DATE: 08-FEB-1996  
CLASSIFICATION: 514  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US 08/349,867  
FILING DATE: 06-DEC-1994  
CLASSIFICATION: 514  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Sanders, Jay M.  
REGISTRATION NUMBER: 39,355  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86.D1  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 352-372-5800  
TELEFAX: 352-375-8100  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3444 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
US-08-598-305A-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 586 ATAGATTGGAGTGTGCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAA 645  
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGACGCTTAAATACAGAAATTAATTTTACCTTACA 447  
QY 646 ACTTATAAAGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAAATTTTCAATTAATTTA 705  
DB 448 AGTTTGAAATCCCTCTTTTATCGCTATGTTTCAAGGGCGAATTTACATTTATCATA 507  
QY 706 TTACAACAAGTGTGTAATGGCTGATGATGAAATGCAATATACATCTCTTCAAAATT 765  
DB 508 TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGGCAAGGCTTGGGACTGATATAGCTACTGTTAATAT 567  
QY 766 GAACCTATGCTGGAACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAGAAAATATACCTAAA 825  
DB 568 C-----ATTATATAGATTAAATAAATCTTATTCATAGA 600  
QY 826 TATAGTAATCTATTGTGCAATATCTATAGAGAAGACTAATAAATCTTGAAGAACT 885  
DB 601 TATCGAAACATTTGTTTGACACATACATCAAGGATTGAAACTTAAAGGTAAT 660  
QY 886 AATATGAGATGAGTATATTTAATGATTATCGAAAGATATATGACTATTTCTGATTAAT 945  
DB 661 ACTGCAATATGGGCAAGATCAATCACTTAGAGAGATTTAACTTACTGATTAAT 720  
QY 946 ACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATTAAGAGATA 983  
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTAGATGTTAGAACATA 758

RESULT 11  
US-08-598-305A-26  
Sequence 26, Application US/08598305A  
Patent No. 5827514  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.  
APPLICANT: THOMPSON, Mark  
APPLICANT: SCHWAB, George E.  
TITLE OF INVENTION: No. 5827514e1 Pesticidal Compositions





Db 721 ATCGTCTCTTTTCCGAACTACGATGTAGAAACATA 758

## RESULT 13

US-08-639-923A-26

Sequence 26 Application US/08639923A

Patent No. 5840554

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Thompson, Mark

APPLICANT: Schwab, George E.

TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in

NUMBER OF SEQUENCES: 38

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: Florida

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/639,923A

FILING DATE: 24-APR-1996

CLASSIFICATION: 435

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US 08/239,476

FILING DATE: 06-MAY-1994

CLASSIFICATION: 435

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Saliwanchik, David R.

REGISTRATION NUMBER: 31,794

REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83.D1

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (904) 375-8100

TELEFAX: (904) 372-5800

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 3444 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

US-08-639-923A-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;

Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;

Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

Db 586 ATACGATTTGAGATGTTCAAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCAACTTGA 645

Db 388 ATTGATTTGCTAATACAGACGCTTTAATAACAGAAATTAATTTTACACTTACA 447

Db 646 ACTATATAAAGCTATTAATTAATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTA 705

Db 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGCTATGTTTCAAGCGGGAATTTACATTATCACTA 507

Db 706 TTACAACAAGTGTGATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 765

Db 508 TTAAGAGCGCTGATGCTTTTGGGCAAGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTTAATAT 567

Db 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 825

Db 568 C-----ATTATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 600

Db 826 TATAGTAATCTATTTGCAAAATACCTATAGAGAGGACTTAATTAATTAATTAATTA 885

Db 601 TATAGCAAACTTTGTTGGACATACATCAAGGATTAGAAACTTAAGGACTTAAT 660

Qy 886 AATATAGATGAGTATTAATTAATGATTTATGAGATATATGACTATTAATAGAT 945

Db 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTCAATCACTTAGAGAGATTATTAACCTTACTGTAATAGAT 720

Qy 946 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATA 983

Db 721 ATCGTCTCTTTTCCGAACTACGATGTAGAAACATA 758

## RESULT 14

PCT-US95-05431-22

Sequence 22 Application PC/TUS9505431

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive

APPLICANT: City: San Diego

APPLICANT: State/Province: California

APPLICANT: Country: US

APPLICANT: Postal code/zip: 92121

APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030

APPLICANT: Telex number: Fax number: (619) 453-6991

TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in

NUMBER OF SEQUENCES: 34

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: Florida

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431

FILING DATE:

CLASSIFICATION:

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Saliwanchik, David R.

REGISTRATION NUMBER: 31,794

REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (904) 375-8100

TELEFAX: (904) 372-5800

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 3444 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

PCT-US95-05431-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;

Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;

Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

Qy 586 ATACGATTTGAGATGTTCAAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCAACTTGA 645

Db 388 ATTGATTTGCTAATACAGACGCTTTAATAACAGCAATTAATTAATTTTACACTTACA 447

Db 646 ACTATATAAAGCTATTAATTAATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTA 705

Db 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGCTATGTTTCAAGCGGGAATTTACATTATCACTA 507

Qy 706 TTACAACAAGTGTGATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 765

Db 508 TTAAGAGCGCTGATGCTTTTGGGCAAGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTTAATAT 567

Qy 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 825

```

Db      568 C-----ATATATAGATTAATAATCTTATTCATAGA 600
Qy      826 TATAGTACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAAAGACCTAATAACTTGAAGAACT 885
Db      601 TATAGCAACATTTGTTGGACATACATCAAGAGATTAGAAACCTTAAGGGTACTAAT 660
Qy      886 AATATGAGATGAGATATATATGATTAATGAGAGATATATGACTATCTATTAAT 945
Db      661 ACTGACAAATGGCGAAGATTCAATCAAGTTTAGAGAGATTTAACACTTACTGATTAAGAT 720
Qy      946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATA 983
Db      721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACAGATGTAGAACATA 758

RESULT 15
PCT-US95-05431-26
; Sequence 26, Application PC/TUS9505431
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT:
; APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive
; APPLICANT: City: San Diego
; APPLICANT: State/Province: California
; APPLICANT: Country: US
; APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
; APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991
; APPLICANT: Telex number:
; TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
; TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens
; NUMBER OF SEQUENCES: 34
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
; CITY: Gainesville
; STATE: Florida
; COUNTRY: USA
; ZIP: 32606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION:
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Saliwanchik, David R.
; REGISTRATION NUMBER: 31,794
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (904) 375-8100
; TELEFAX: (904) 372-5800
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 3444 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; PCT-US95-05431-26

```

```

Query Match      3.6%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;
Best local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```

```

Qy      586 ATAGATTGGAATGTTCAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAA 645
Db      388 ATTCGATTGCTAATACAGACGCTTAAATACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447
Qy      646 ACTTATAAAGCTATTACTATCTATTTATGCGCAAGCTGTAATTTTCATTTAAATTTA 705

```

```

Db      448 AGTTTGAAATCCCTCTTTTATCGGTCTATGTTCAAGCGGAAATTTACATTATCACTA 507
Qy      706 TTACAAAGGTGCTGAATTTGGCTGATGAAATGGAATGCAATATACATCCCTCAAAAT 765
Db      508 TTAAGAGACGCTGATGTTGGGACAGGTGGGAGCTGATATAGCTACTGTTAAATAT 567
Qy      766 GAACCTAATCGTGGAAATCAGATGATATTTAACTTTAAAGAAATATATACCTTAA 825
Db      568 C-----ATATATAGATTAATAATCTTATTCATAGA 600
Qy      826 TATAGTACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAAAGACCTAATAACTTGAAGAACT 885
Db      601 TATAGCAACATTTGTTGGACATACATCAAGATTAGAAACCTTAAGGGTACTAAT 660
Qy      886 AATATGAGATGAGATATATATGATTAATGATTAATGAGAGATATATGACTATCTATTAAT 945
Db      661 ACTGACAAATGGCGAAGATTCAATCAAGTTTAGAGAGATTTAACACTTACTGATTAAGAT 720
Qy      946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATA 983
Db      721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACAGATGTAGAACATA 758

```

```

Search completed: December 22, 2005, 00:14:58
Job time : 401.056 secs

```

١٠٠٠

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 19:17:12 : Search time 268.51 Seconds  
(without alignments)  
4319.624 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235  
Sequence: 1 gtcgaatcaataataataa.....caactatgatattgattaa 2235

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4168288 seqs, 259477437 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 8336576

Minimum DB seq length: 0  
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%  
Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database :

Published Applications NA New:\*  
1: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US08\_NEW\_PUB\_seq.\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US06\_NEW\_PUB\_seq.\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US07\_NEW\_PUB\_seq.\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/PCr\_NEW\_PUB\_seq.\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US09\_NEW\_PUB\_seq.\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US10\_NEW\_PUB\_seq.\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB\_seq.\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB\_seq.\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB\_seq.\*  
10: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US60\_NEW\_PUB\_seq.\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	75.6	3.4	1959	US-11-192-801-1	Sequence 1, Appli
2	72.4	3.2	1959	US-11-192-801-3	Sequence 3, Appli
3	71.8	3.2	171486	US-11-121-086-105	Sequence 105, App
4	71.4	3.2	173602	US-11-121-086-25	Sequence 25, Appl
5	66.2	3.0	2031	US-11-058-727-51	Sequence 51, Appl
6	66.2	3.0	2031	US-11-058-727-83	Sequence 83, Appl
7	66.2	3.0	2031	US-11-108-389-51	Sequence 51, Appl
8	66.2	3.0	2031	US-11-108-389-83	Sequence 83, Appl
9	65	2.9	2028	US-11-058-727-39	Sequence 39, Appl
10	65	2.9	2028	US-11-058-727-71	Sequence 71, Appl
11	65	2.9	2028	US-11-108-389-39	Sequence 39, Appl
12	65	2.9	2028	US-11-108-389-71	Sequence 71, Appl
13	65	2.9	139054	US-11-121-086-96	Sequence 96, Appl
14	63.8	2.9	171486	US-11-121-086-105	Sequence 105, Appl
15	63.4	2.8	2025	US-11-058-727-41	Sequence 41, Appl
16	63.4	2.8	2025	US-11-058-727-73	Sequence 73, Appl
17	63.4	2.8	2025	US-11-108-389-41	Sequence 41, Appl
18	63.4	2.8	2025	US-11-108-389-73	Sequence 73, Appl
19	61.8	2.8	173602	US-11-121-086-25	Sequence 25, Appl
20	61.4	2.7	2019	US-11-058-727-59	Sequence 59, Appl
21	61.4	2.7	2019	US-11-058-727-91	Sequence 91, Appl
22	61.4	2.7	2019	US-11-108-389-59	Sequence 59, Appl
23	61.4	2.7	2019	US-11-108-389-91	Sequence 91, Appl

24	60.8	2.7	139054	US-11-121-086-96	Sequence 96, Appl
25	60.6	2.7	2022	US-11-058-727-49	Sequence 49, Appl
26	60.6	2.7	2022	US-11-058-727-81	Sequence 81, Appl
27	60.6	2.7	2022	US-11-108-389-49	Sequence 49, Appl
28	60.6	2.7	2022	US-11-108-389-81	Sequence 81, Appl
29	60.2	2.7	2025	US-11-058-727-47	Sequence 47, Appl
30	60.2	2.7	2025	US-11-058-727-79	Sequence 79, Appl
31	60.2	2.7	2025	US-11-108-389-47	Sequence 47, Appl
32	60.2	2.7	2025	US-11-108-389-79	Sequence 79, Appl
33	59.8	2.7	2022	US-11-058-727-21	Sequence 21, Appl
34	59.8	2.7	2022	US-11-058-727-67	Sequence 67, Appl
35	59.8	2.7	2022	US-11-108-389-21	Sequence 21, Appl
36	59.8	2.7	2022	US-11-108-389-67	Sequence 67, Appl
37	59.4	2.7	158692	US-11-121-086-30	Sequence 30, Appl
38	59	2.6	2022	US-11-058-727-43	Sequence 43, Appl
39	59	2.6	2022	US-11-058-727-75	Sequence 75, Appl
40	59	2.6	2022	US-11-108-389-43	Sequence 43, Appl
41	59	2.6	2022	US-11-108-389-75	Sequence 75, Appl
42	58.6	2.6	2025	US-11-058-727-45	Sequence 45, Appl
43	58.6	2.6	2025	US-11-058-727-77	Sequence 77, Appl
44	58.6	2.6	2025	US-11-108-389-45	Sequence 45, Appl
45	58.6	2.6	2025	US-11-108-389-77	Sequence 77, Appl

#### ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-11-192-801-1
: Sequence 1, Application US/11192801
: Publication No. US20050273882A1
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Romano, Charles P.
: TITLE OF INVENTION: Improved Expression of Cry3Bb Insecticidal Protein in Plants
: FILE REFERENCE: 38-21(15104) Cry3Bb Improved Exp. Corn
: CURRENT FILING DATE: 2005-07-29
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US/11/192,801
: PRIOR FILING DATE: 2002-08-29
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/232,665
: PRIOR FILING DATE: 2002-08-29
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/377,466
: PRIOR FILING DATE: 1999-08-19
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
: SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
: SEQ ID NO 1
: LENGTH: 1959
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Bacillus thuringiensis
: FEATURES:
: NAME/KEY: CDS
: LOCATION: (1)..(1956)
: OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: naturally
: OTHER INFORMATION: occurring nucleotide sequence encoding a Cry3Bb1
: OTHER INFORMATION: amino acid sequence
US-11-192-801-1
Query Match 3.4%; Score 75.6; DB 7; Length 1959;
Best Local Similarity 52.5%; Pred. No. 6.6e-05;
Matches 211; Conservative 0; Mismatches 164; Indels 27; Gaps 1;
QY 588 ACGATTGAGAAATGTCACAAATGATTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCAACTGGAAC 647
Db 507 ACTTTTTCCTACAGCAAGAAATCTTTTCGTAATTCATCGATCGCATTTGAGATTTCCAA 566
QY 648 TTATTAAGCGTATTTACTTACTTATTTATTCGCAAGCTGCTAATTTTCATTAAATTAAT 707
Db 567 ATTGGAAGTGTGTTTCTACCAACATATGCAAGCTGCAAAATACATTTATTTGCTAAT 626
QY 708 ACAACAGTGTCTGAATTTGCTGTGATGGAATGCAATATACATCTTCACAATTTGA 767
Db 627 AAAAGATGCTAATTTTGTGAGGAATG-----GG 659
QY 768 ACCTAATGCTGAACATTCAGATGACTTATTAACCTTTAAAGAAATATATACCTTAATA 827
```

Db	660	AATATCTTCAGAGAGATGTCTGAATTTTATCATAGACAAATPAAACTTACACACACAAATA	719
Qy	828	TAGTAACATATTGTGCAAATACCTATAGACAGAGACTPAATAACTTCGAAACGAACCTPA	887
Db	720	CACGACCAATGTGTATATGTATATATGTTCGATTAAATGTCTTAAAGAGTTCACCTTA	779
Qy	888	TATGAGATGGAGTATATTAAATGATTATGGAAGATATATGACATATACGTATTTAGATAC	947
Db	780	TGATGCAATGGGTCAAAATTAAACCGTTTTCGACAGAAATGACTTTTAACTGTATATGATCT	839
Qy	948	TATGCTCAATTTTCTTTTATGATATPAAAGATACCAAGA	989
Db	840	AATGTACTTTTCCCAATTTTATGATATATGATATGCGTTATATCTCAA	881

RESULT 2  
US-11-192-801-3  
; Sequence 3, Application US/11192801

```

? Publication No. US20050273882A1
? GENERAL INFORMATION:
?   APPLICANT: Romano, Charles P.
?   TITLE OF INVENTION: Improved Expression of Cry3Bb Insecticidal Protein in Plants
?   FILE REFERENCE: 38-21(15304) Cry3Bb Improved Exp. Corn
?   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/192,801
?   CURRENT FILING DATE: 2005-07-29
?   PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/232,665
?   PRIOR FILING DATE: 2002-08-29
?   PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/377,466
?   PRIOR FILING DATE: 1999-08-19
?   NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
?   SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
?   SEQ ID NO 3
?   LENGTH: 1959
?   TYPE: DNA
?   ORGANISM: Bacillus thuringiensis
?   FEATURE:
?   NAME/KEY: CDS
?   LOCATION: (1) ..(1956)
?   OTHER INFORMATION: naturally occurring nucleotide sequence encoding a
?   OTHER INFORMATION: Cry3Bb2 amino acid sequence
?   US-11-192-801-3

```

Query Match	3.2%;	Score 72.4;	DB 7;	Length 1959;
Best Local Similarity	52.0%;	Pred. No. 0.00024;		
Matches 209; Conservative	0;	Mismatches 166;	Indels 27;	Gaps 1.

QY	588	ACGATTGAGATGTTCACAATGAATTTTATTTCGAGAATACTGGTTCCAACTTGAAAC	647
Dd	507	ACTTTTTCTCAGAGAGAAAGTCATTTTCGTAATTCATGCCGTCAITTTGCAGTTTCCA	566
QY	648	TTAATAAAACGTATTACTTACCATTATTATGCGCAAGCTGTAAATTTTCAATTTAAATTAT	707
Dd	567	AATGGAAGGTGCTTTCTACCAACATATGCAACAAGCTGAATATACATTTATTCGTATT	626
QY	708	ACAAACAGGTGCTGAATTTGGCTGATGAATGGAATGCAGATATATCATCTTTCACAAATTGA	767
Dd	627	AAAGATGCTCAAGTTTTTGGAGAGAAATGG-----GG	659
QY	768	ACCTAATGCTGSAACATCAGATGACTATTATTAACCTTTAAAAAGAAATATATCCTAAATA	827
Dd	660	ATATTTCTTCANAGATGTTGGTAGAATTTTATCATGACAAATTAACCTAACGCAACAATA	719
QY	828	TAGTAACATTTGTGCAAAATCTATATAGAGAAAGACTAAATTAACCTCGAAACGAACCTRA	887
Dd	720	CACGACCATTTGTGCAATTTGTATTAATAGTTGGATTTAAATGTTTAAAGAGTTTCAACTTA	779
QY	888	TATGAGATGAGATATTTAATNGATATATGASAGATATATGATATTACTGTATTTGATAC	947
Dd	780	TGATGCAATGGGTCAAATTTAAACCGTTTTCGCAAGAAATATGACTTTAATCTGTAATGATCT	839
QY	948	TATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGATATCAAGA	989
Dd	840	AATGTACTTTTCCATTTTATGATGCTTCGGTTATATCTCAAA	881

RESULT 3  
US-11-121-086-105/c

```

: Sequence 105, Application US/11121086
: Publication No. US20050266459A1
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: POULSEN, TIM S.
: APPLICANT: NIELSEN, KRISTEN V.
: TITLE OR INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
: FILE REFERENCE: 09138.6000-000000
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086
: PRIOR FILING DATE: 2005-05-04
: PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
: SOFTWARE: PatentIn version 3.3
: SEQ ID NO 105
: LENGTH: 171486
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Homo sapiens
: US-11-121-086-105

```

Query Match	3.2%;	Score 71.8;	DB 7;	Length 171486;
Best Local Similarity	44.1%;	Pred. No. 0.00069;		
Matches 580; Conservative	0;	Mismatches 717;	Indels 18;	Gaps 6;

Qy	925	ATGACCTTTCGTGATTAAGTACTGATTCGCTCAATTTTCTTTTATGATTAAGAAGATAC	984
Db	17682	ATCTATATATATATAAATATATATAATATTTATATATCTTATATATATATATAATATATA	1762
Qy	985	AAAGATTCAATAGAGAAATAGGTGGATTAA-ACGTGAACCTTACAGAGAAATTTATAC	1043
Db	17622	ATATATTTATATATATCTATTAATATATATAAATATATTTTATATATATCTATATATATA	1756
Qy	1044	AACGAAATTAATTTTGACCGTCTTACTTACCTTGAATTCGAACCCATCTCGCTATAT	1103
Db	17562	ATCTATATAATATTTTATATATATCTATATATATATCTATATAATCTATATAATATTTATATA	1750
Qy	1104	GGAATATATATTTAACACGTTCAAGGCTTAGATATTTTCATTTTATGATGAACCTTATTT	1163
Db	17502	TCCTATATATATA-----ACCTATATAATATTTTATATATATCTATATATATATATAT	1745
Qy	1164	TTATACAAAAATGAACGTACGGGAATCGTTTAGTGGTATTTGCAATCGTATATATATC	1223
Db	17449	CTATATAATATATTTATATATATCTATATATATATAATCTATATAATATATTTATATATATC	1739
Qy	1224	TACTATGCTACACAGGAATGAAATTAATATATGAGAAAGAACAGTCCACCCACAC	1283
Db	17389	TATATATATATAAATCTATATAATATTTTATATATATCTATAAATATATAAATATATATA	1733
Qy	1284	AAAACTTTATATACATTTGAATCTATATAAGTTTCATTTGTAATGATGACAAGTAAC	1343
Db	17329	TATTTATATATATCAATATAATATAATATATATAATATATTTATATATATCTATATATAT	1727
Qy	1344	TCCTACTTCCCTTTTCTTACATATACTTTACAAATTAATCAAAATGGAACCTTATTTAAA	1403
Db	17269	AAATATATATAATATTTATATATCTATATATATATAAATATATAAATATTTATATATA	1721
Qy	1404	TAATTCACCTTAGTATATAATTAACATTTCAAGCTGGGGGAATTTATCTATATGATAAAA	1463
Db	17209	TCATATATATATAATATAATATAATATAATTTATATATATCTATATATATATAAATATAAAA	1715
Qy	1464	AACAACGATTTTCAATTTCTGTGAAAAAAGAATGAAACAATTTATATCAAAATTTG	1523
Db	17149	TATTTATATATATCTATATAATATAAATATATA---AATATATTTATATATATCTATAA	1709
Qy	1524	TTTACCAAGCTATATATAGTATATAGCATATTTTATCCAGTTTCTTTATTTATATATTC	1583
Db	17093	TATATATAATATATAAATTTATATATATCTATATAATATATAAATATATATATATCTAT	1703
Qy	1584	CTATATAATTGATAGCGCTAAATATATTTATATACAGGTGCATTTAGATGACACACAG	1643



Db 17033 CATAATATAATCAAAATATATATCTATCATATATAATATACAAATATATTTATAT 16974  
Qy 1664 TAGGTTAATGAATATATGCAATATCGATTAATATATTAACATNGATCCAGCAATCA 1703  
Db 16973 ATCTATCATATATAATATATACAAATATATTTATATATATCTATCATATATAATATACAA 16914  
Qy 1704 AGGTAAACAGCTCTGATACAAACTCTAAGGTAATGAGAACCTGGTCAATACAGAGAAA 1763  
Db 16913 ATATATTTATATATATCTATCATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 16854  
Qy 1764 CTGGTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTA CATGTAGAACTCCATATTTCTAC 1823  
Db 16853 TATATTTATATATATATAGAT 16794  
Qy 1824 ACAATCTTATACATATAGACTTCGATAGCTTACAAATGGTGTGGAATATCTTCTCTTA 1883  
Db 16793 AATATGTAATGAT 16734  
Qy 1884 TATATCTCT--TACAAATCCAGAGTAAATAGGAATATACCACTCAACGACTCAACACT 1941  
Db 16733 TATATTTAT 16674  
Qy 1942 TTTTCTGTACAAAT 2001  
Db 16673 TATATATATGTAAT 16614  
Qy 2002 AGTACAGTACATTAACCTTTAAATCGAAACATACCAATTTATATATATATATATATAT 2060  
Db 16613 TAT 16554  
Qy 2061 ATCAATCAATTTTAT 2120  
Db 16553 ATATATGAT 16494  
Qy 2121 CCAAAATAGAGA---AAAACAAAATTTAGAACTATCCAAACAAAATATATATATATATAT 2177  
Db 16493 AT 16434  
Qy 2178 CACAAATCATACAAAATATCTTTAATATATAGAACCCAAACTATGATTTGAT 2232  
Db 16433 TAAAT 16379

RESULT 4  
US-11-121-086-25/c  
; Sequence 25, Application US/11121086  
; Publication No. US20050266459A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.  
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.  
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES  
; FILE REFERENCE: 09138, 6000-00000  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121, 086  
; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567, 570  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107  
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3  
; SEQ ID NO 25  
; LENGTH: 173602  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Homo sapiens  
US-11-121-086-25

Query Match 3.2%; Score 71.4; DB 7; length 173602;  
Best Local Similarity 42.5%; Pred. No. 0.0081;  
Matches 551; Conservative 0; Mismatches 736; Indels 8; Gaps 3;

Qy 867 ATATAGATGAGAT 946  
Db 137315 AT 137256  
Qy 947 CTATGCGTCAATTTCTTTTATGAT 1006

Db 137255 AT 137196  
Qy 1007 GTGCAATTAACAACTGAACTTACAAAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGTCC 1066  
Db 137195 AT 137136  
Qy 1067 TTACTTACCTGAAATTAACCAACCAATCCGCTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1126  
Db 137135 AT 137076  
Qy 1127 GGGCTTACATTTATTTTCAATTTTAT 1186  
Db 137075 GTAT 137016  
Qy 1187 GGAATCGTTAGTTAGTTAGTTCGAAATCGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1246  
Db 137015 AT 136956  
Qy 1247 AAT 1306  
Db 136955 TAAAT 136896  
Qy 1307 CCTATTAAGTTTCAA--TTGTATCTGATAGCAAGTAACTCTACTCCCTTTTCCCTAAC 1365  
Db 136895 TAT 136836  
Qy 1366 ATATATCTTATCAATTAATCAATTTGAACTTATATATATATATATATATATATATATATAT 1425  
Db 136835 AT 136776  
Qy 1426 ACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1485  
Db 136775 AT 136716  
Qy 1486 GTAAAAAAGACGTGAAACCAAT 1545  
Db 136715 TAT 136656  
Qy 1546 AGTCATATTTTATCCAGTTTCTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1605  
Db 136655 TAT 136596  
Qy 1606 AT 1665  
Db 136595 AAT 136536  
Qy 1666 ATATCAGTAAAT 1725  
Db 136535 AT 136476  
Qy 1726 TCTATAGATATATGGAAGACCTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1785  
Db 136475 TTAT 136416  
Qy 1786 GGGCGTTTACAGATTAATGATGACCTCTATATCTTACACATCTTATATATATATATATAT 1845  
Db 136415 TAT 136356  
Qy 1846 CGATACGTACAAA-----TGGTCTGGAATATCTGCTATATATATATATATATATATATATAT 1899  
Db 136355 AT 136296  
Qy 1900 CCAGAGATATATGGAATATCCACTCAACGACTCAACACACTTTTCTGTACAAATATAT 1959  
Db 136295 TTAT 136236  
Qy 1360 AAT 2019  
Db 136235 AT 136176  
Qy 2020 TTAATCGAAACATACCACTTATATAT--TAAATCGTACAGATATCAAAATTTCAATTTTATAT 2078

[illegible]

RESULT 5  
US-11-05

```

Sequence 51, Application US/11058727
Publication No. US20050261483v1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Andre R. Abad
APPLICANT: Ronald D. Flannagan
APPLICANT: Rafael Herrmann
APPLICANT: Theodore W. Kahn
APPLICANT: Albert L. Lu
APPLICANT: Billy Fred McCutchen
APPLICANT: James K. Prenail
APPLICANT: James F.H. Wong
APPLICANT: Cao-Guo Yu
TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Peptidolysis
TITLE OF INVENTION: Activity
FILE REFERENCE: 35718/287809
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 51
LENGTH: 2031
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1)...(2031)
US-11-058-727-51

```

Query Match	Score	DB	Length	2031;
3.0%	66.2	7		

Best local similarity 41.54; Pred. NO. 0.0029;  
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 438; Indels 78; Gaps 6;

Oy	2	TGAATCAAAATATATATATGAATATGATATGATATCAAAAGATTATTCCTT	61
Db	2	TGAGTCCAAATATATCAAAATGAAATATGAAATTTATATATGCGACCTTCTTGTAT	61
Oy	62	CTAAACAGAAATATATGATCATTTCTAGATA	121
Db	62	CCAA-----TGATTTCTAACAGATATCCCTTTTGCGAATGAGCAACAAATGGCTATC	112
Oy	122	AAAAACAATAATTACAAAGAGTGGCTCATATATGTGTCAAGGGAATACACAATATGGTATTA	181
Db	113	AAAAATATGATTTATTAAGATTAATTTAAAAATGTCTGCGGGAAATCTAGTGAATACCCGTG	172
Oy	182	ATTTCGAGACATTTCTAGTGGCTGATACAAATGTGCGAGTTATAGTACAGATCTATTTGAT	241
Db	173	GTTACCTCGAAGTACTTTGTAGCGGACA--GATGACAGCTAAGGCCGCAATTTGATATATAG	229
Oy	242	CCGGTACTCTGTTAGCCCGTATAGGTGGGCTCATCTTATATCCGAGCCGATAGGAATTA	301
Db	230	TAGGTAAATTACTATACAGGTTTAAAGGGTCCC-----ATTGG	265
Oy	302	TAGTGTATATATATATCTTTTGGTACCTATATCATCTGTCTTTTGGCCCCGGGAGAAC	361

Dd	266	TTGGGCGGAGTAGAGAGCTTTTATATCTCAACTTATTTGATATCTGTGGCTTCAGGGGAA - 324
Oy	362	AAGACAAAACAGTAGACACAACTTTATTTAAATGGGAGAAATTTTGTGTATACCGT 421
Dd	325	----AAGAGTCAGTTGGAAATTTTTTATGGAAACAAGTAGAAAGAACTATTATCTAAAAA 379
Oy	422	TAAACAGAAAGCACTAAAAACAGTAAAGTTACAAACTTTTGAAGAGATTAGACAAATATTAC 481
Dd	380	TACAGAAATATGCAAGAAATAAGGCGTTTGGAAATTGAAAGATTTAGTATATATTAATACC 439
Oy	482	AAAGCTATATATACAGCATTAGATGATTGGAGAAAATTAAAAAGCTACAAAGCTCTGGAT 541
Dd	440	AATTATATCTAACCTGGCGCTTGAAGAGATGGAAATAATCCATTTGCAAGTCGAGTGGTT 499
Oy	542	TACACACATCATCAGCATATACAAACAAGCGGCGTTGACTTTAAATAATGCATTTGAGATG 601
Dd	500	TAAATGTTCCGGGCAAGCTTACAGATG-----TGGAAATCGATTTGAAATCC 550
Oy	602	TTCACAATGATTTTATTTCGAGAAATACCTGTGTTTCAACTTGAAACTTATPAAACGCTAT 661
Dd	551	TGAGATGTTTATTATTCGCAATATATATGCGATCTTTTAGAGTACAAATTTTGAAGTACAT 610
Oy	662	TACTACTCTTTATATGGCGAAGCTGTATTTTCAATTTTAAATTTTTCACAAAGATGCTG 721
Dd	611	TCTTACTGTATATGCAATGCGACGCAACCTTCATTTTCTGTATTTAAAGGACCGCTCAA 670
Oy	722	AATTGGCTGATGATGGAATGCAGATATATACATCCCTTCAAAATTTGAACTTAATGCTGGAA 781
Dd	671	TTTTTGGAGAAAGATG-----GGATGGTCAACAACATA 703
Oy	782	CATCAGATGACTTTTATPAACTTTTAAAAAGAAATATATCTTAATATATATATATATTTG 841
Dd	704	CTATTATATACTATTATATGATGTGTCAAAAGAACTTACTGCAAGATATTTGTATCATCTGT 763
Oy	842	CAAAATCCTATAGAGAGAGCTPAAATPAACTTTGCAAAAGCACTTAATATGAGATGAGATA 901
Dd	764	TAAAGGTGATGAAATCTGTTTAGCAAAATTTAAAGCAGCAGGCGCTTAACATATGGTTG 823
Oy	902	TATTTAATGATTTATGCAAGATATATGACTATTACTGTATATGATATATATGCTCATATTTT 961
Dd	824	ACTATATACCAATTCCTATAGAGAAATGACATGCGGTTTTATGATGTTGTGTCAATTATCC 883
Oy	962	CTTTTATGATTTAAAGAGATAC 984
Dd	884	CAATTTATGACACGACGACGTAC 906

## RESULT

```

US-11-058-727-83
/ Sequence 83, Application US/11058727
/ Publication No. US20050261483A1
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: Andre R. Abad
/ APPLICANT: Ronald D. Flammagan
/ APPLICANT: Rafael Herrmann
/ APPLICANT: Theodore W. Kahn
/ APPLICANT: Albert L. Lu
/ APPLICANT: Billy Fred McCutchen
/ APPLICANT: James K. Presnall
/ APPLICANT: James F.H. Wong
/ APPLICANT: Cao-Guo Yu
/ TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Pesticidal
/ TITLE OF INVENTION: Activity
/ FILE REFERENCE: 35718/287809
/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
/ CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/7391,786
/ PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/660,787
/ PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
/ PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 134

```

OY	2	TGAATCAAAATATATATATGAAATGTGAAATGATATGATTCGATTCGAAAGATTAATTCCTT	61
OY	2	TGAGTCGAAATATATCAAAATGAAATGAAATTAATGATGCGACACTTCCTACTCTGAT	61
Db	2	TGAGTCGAAATATATCAAAATGAAATGAAATTAATGATGCGACACTTCCTACTCTGAT	61
OY	62	CTAACAGAAATATTGATCATCTTACATACCTTTACACAAATATATCAACCATAC	121
OY	62	CCAA-----TGATTCCTAACAAATACCCCTTTTTCGAAATGACCAACAAATGGCTAC	112
Db	62	CCAA-----TGATTCCTAACAAATACCCCTTTTTCGAAATGACCAACAAATGGCTAC	112
OY	122	AAAAACAATATTCACAAAGAGTGGCGCAATATGTCCTAAGGGAAATACAAATATGGTGAT	181
OY	122	AAAAACAATATTCACAAAGAGTGGCGCAATATGTCCTAAGGGAAATACAAATATGGTGAT	181
Db	122	AAAAACAATATTCACAAAGAGTGGCGCAATATGTCCTAAGGGAAATACAAATATGGTGAT	181
OY	113	AAAAATATGATTTATTAAGATTTATTTAAAAATATCTGCGGAAATGCTAGTGAATCCCTG	172
OY	182	ATTTCGAGACATTTGCTAGTGTCTGATACAAATTCGTCAGTTAGTGCAGGTACTATTGTAT	241
Db	173	GTTCACTGGAAGTACTGTTGATGCGGACAA--GATGACGCTAAGGCCGCAATTGATATAG	229
OY	242	CCGGAATCTCTGTACCGGTAATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATAGGAAT	301
Db	230	TAGTAAATTAATCTATCAAGTTTAAAGGATCC-----ATTGTG	265
OY	302	TAGTGTATATATATATCTTTTGGACCTATACATGCTCTTTGGCCCGCGGAGAAC	361
Db	266	TTGGGCCGATAGTAGCTTTTACTCACTTATGATATTTCTGTGGCCTTACGGGAA-	324
OY	362	AAGACAAACAGTATGACACAAATTTATTTAAATGGGAAATTTTGTGTATACCGT	421
Db	325	-----AAGATCAATGGGAAATTTTATATGAAACAGTAGAAGAACTATTAATCAAAAA	379
OY	422	TAAAGAAAGCATTAACAAGTAAAGTTACAACTTTAGAAAGATTTAGACAAATTTAC	481
Db	380	TAGCAAGATATGCAAGAAATTAAGCGCTTTCGAAATTAAGAAATTTAGATAATTAACC	439
OY	482	AAAGCTATATACAGCATTTAGATGATTTGGAGAAATTTAAAAAGCTACACGCTCTGAT	541
Db	440	AATATATCTATCTCGCTGGAAGATGGAGAAATATCAATTTGGAAGTCAGATATGTT	499
OY	542	TACACCATCATCAGCATTTACACAACTGCTGCTTGACTTTAAATAGATTTGAAATG	601
Db	500	TAAATGTGTCCGGCGCAGCCTTACAGATG-----TGGAAATGCATTTGAAATCC	550
OY	602	TTACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCGGTTTCAACTTGAACCTATTAAGCTAT	661
Db	551	TGGAATGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTAGGTGACAAATTTTGAATACAT	610
OY	662	TACTACCTATTATATGCGCAAGCTGTCTAATTTTCATTTAATTTATTTACAAACAAGTGTG	721
Db	611	TCCTTACTGTATATGCAATGGCAGCAACTTCATTTACTGTTATTTAAAGACGGCTCA	670
OY	722	AATGGCTGATGAAATGGAATGCAATATATCTTTACAAATTTGAACCTAATGCTGGAA	781
Db	671	TTTTTGGAGAAATAG-----GATGTGCAACAACCTA	703
OY	782	CATCAGATCATTTATTAACCTTTTAAAAAATAATACCTAATATATAGTAACTATGTG	841
Db	704	CTATTAAATATATATATGATGTCGCAAAATGAAACTTATACGACAAATATCTGATCTGTG	763
OY	842	CAATATCTATGAGAGAGACTAAATTAACCTTGAAAGCAACCTAATATGAGATGAGAT	901
Db	764	TAAATGTGTATAACTGGTTTGGCAAAATTTAAAGGCGACGCGCTAAACATGGGTTG	823

D<sub>b</sub> 266 TTGGCCGATAGTGAATCTTATACCTCAAC

```

RESULT 7
US-11-108-389-51
; Sequence 51, Application US/11108389
; Publication No. US20050261188A1
; GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Andre R. Abad
APPLICANT: Ronald D. Plannagan
APPLICANT: Rafael Herrmann
APPLICANT: Theodore W. Kahn
APPLICANT: Albert L. Lu
APPLICANT: Billy Fred McCutchen
APPLICANT: James K. Presnail
APPLICANT: James F.H. Wong
APPLICANT: Cao-Guo Yu
TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins With Pesticidal
TITLE OF INVENTION: Activity
FILE REFERENCE: 35718/291049
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 51
LENGTH: 2031
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1)...(2031)
US-11-108-389-51

Query Match      3.0%; Score 66.2; DB 7; Length 2031;
Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0023;
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 438; Indels 78; Gaps 6

QY      2 TGAATCAAAATPATAATATGTAATAGATTGATTCGATTCAAAGAATTTATCTTATCCTT 61
DB      2 TGAGTCCAAATATACAAAATGAAATGAAATTTAGATCGACAACCTTCTACTTCTGTAT 61

QY      62 CTAAACAAGAAATTTGATCATCTTTAGATACCCTTACACAATATATCCAACCATTC 121
DB      62 CCAA-----TGATTTACACAGTATACCTTTTGCGATGAGCCAACAAAGCGGTAC 112

QY      122 AAAACAATAATTACAAAGAGTGCGCTCATATATGTGTCAAGGAATATACAAATATGTGATTA 181
DB      113 AAAAATATGATTTATAAAGATTATTTTAAAAATGTCTGGCGGAATGTCTAGTAATACCTTG 172

QY      182 ATTTGAGACATTTTCTAGTGTCTGATATACAAATTTGTCAGATTATGTGACAGGATCAATTGTAT 241
DB      173 GTTCACTGAACTACTTGTGTGCGACAA--GATGACCTAAGGCCGCAATTGATATAG 229

QY      242 CGGACTACTGTGTAGCCGGTATAGGTGGGCTCATCTTATATCCGACCGATAGAAATTA 301
DB      230 TAGGTAAATTAATCTACAGGTTTAGGGGTCC-----ATTTG 265

QY      302 TAGGTGCTATATATATATCTTTTGGTACCTTATATCACTGTCTTTTGGCCCCGCGGGAAC 361
DB      266 TTGGGCGCATATGTAGTCTTTTATCTTAACTTAACTTATGTATATCTGTGGCCCTTACGGGGAA- 324

```

Qy	362	AAAGCAAAACAGTATGAGACACATTTATTTAAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCGT	421
Db	325	-----AAGAGTCAAATGGGAAATTTTATTTATTTGAAACAGTAAAGAACCTATTAAATCAAAAA	379
Qy	422	TAAACAGAAAGCATAAACACGTAAAGTTACAACTTTAGAAAGATTTAGACAAATATTAC	481
Db	380	TAGCGAAGATATGCAAGAAATAAAGCGCTTTCGGAATTAAGAAGATTAGGAATTAATTACC	439
Qy	482	AAAGGTATTAATCAGACATTTAGATGATTTGGAGAAATTTAAAAAGCTAACAGCTCCCGAT	541
Db	440	AATTAATATCTAATCTGGCTGTTGAAGATGGGAGAAATTCATTTCCAAAGTCGAGTAGTT	499
Qy	542	TACCAACATCATCAGCATTTACAAACAGCTGCTGATCTTTAAATATGATTTGAAGATG	601
Db	500	TAAATGTTCCCGGCGACGCTTACGAGATG-----TGGAAATTCATTTGAAATCC	550
Qy	602	TTCAACAATGATTTTATTTGAGAAATTCCTGGTTTCCAACTTGAAACTTATTAACCGCTAT	661
Db	551	TGGAATAGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTAAAGATGACAAATTTTGAAGTACAT	610
Qy	662	TACTACCTATTTATATCGCAAGCTGCTAAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTCTG	721
Db	611	TCCTTACTGTATATGCAATGAGCGCAACCTTCATTTACGTTATTTAAGAGACGCTCAA	670
Qy	722	AATGCGCTGATGAATGGAATGCAATATACATCTTCACAAAATGAACCTAATGCTGGAA	781
Db	671	TTTTTGGAGAAATATGG-----GGATGCTCAACACTA	703
Qy	782	CATCAGATGACATTAATTAACCTTTTAAAGAAATATTAACCTAATTAATAGTAATATTGTG	841
Db	704	CTATTAAATACATTAATTAATGATCGTCAATGAACTTACTGCAATATATTGATGACATGTG	763
Qy	842	CAAAATACCTATAGAGAGGACTTAATTAACCTTGGAAACGAACCTAATATGAGATGAGTA	901
Db	764	TAAAGTGATATGAACCTGCTTTAGCAAAATTTAAAGGACGAGCGCTAAACAATGGGTTG	823
Qy	902	TATTTAATGATTAATGAGAGATATATGACATTAATCTGATTTAGTACTATTCGCTCAATTTT	961
Db	824	ACTAATACCAATTCGTTAGAGAAATGACACTGGCGGTTTTAGATGTTGTGACATTAATTCC	883
Qy	962	CTTTTATGATTAATTAAGAGATAC	984
Db	884	CAATTAATGACACACGACGCTAC	906

RESULT 8  
US-11-108-389-83  
; Sequence 83, Application US/11108389  
; Publication No. US20050261188A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Andre R. Abad  
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan  
; APPLICANT: Rafael Herrmann  
; APPLICANT: Theodore W. Kahn  
; APPLICANT: Albert L. Lu  
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen  
; APPLICANT: James K. Presnail  
; APPLICANT: James F.H. Wong  
; APPLICANT: Cao-Guo Yu  
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal  
; TITLE OF INVENTION: Activity  
; FILE REFERENCE: 35718/291049  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389  
; CURRENT FILING DATE: 2005-04-18  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

```

; SEQ ID NO 83
; LENGTH: 2031
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURES:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2031)
US-11-108-389-83

Query Match      3.0%; Score 66.2; DB 7; Length 2031;
Beet Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0029;
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 439; Indels 78; Gaps 6;

Oy      2 TGAATCAAAATAAATAATGATAGATGATTCGATTCGAAAGATTATCTTATCCGT 61
Db      2 TGAATCCAAATTAACAAAATGAAATATGAAATTTATAGATGCACACTTCTACTTGAT 61

Oy      62 CTAAcagaaatattgatcatctttagaatacccttaacaaaataatccaatccattac 121
Db      62 ccaa-----tgattctaacagatnaccctttggcaatgagcacaataggcgctac 112

Oy      122 AAAACAATAATCAAAGAAGCGCTCAATATGTGTCAAGGAATATCACAATATGGTAGTA 181
Db      113 AAATAATGGAATTAATAAGATTATTTAAAAATGTCGCGGAAATGCTATGTAATACCCTG 172

Oy      182 ATTTCGAGACATTGTCTAGTGTCTATATCAATATGCTGCAGTTAGTGCAGGTACTATTGTAT 241
Db      173 GTTCACTCGAAGTACTTGTATAGCGGACA---GATGCAAGCTATAGGCCCAATTGATATNG 229

Oy      242 CCGGTACTCTGTNAGCCGGTATAGGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGGAATPA 301
Db      230 TAGGTAAATTACTATCAGTITTAGGGGTCCC-----ATTTG 265

Oy      302 TAGGTGCTATPATATATCTTTTGTGTAOCCTAATCATCTGTCTTTTGCCCGCGGGAGAAC 361
Db      266 TTGGCCGATATGATGCTTTTATATCAACTTATGATATTCGTGGCTTTCAGGGGAA- 324

Oy      362 AAGCAAAAACGATATGACACAATTTATTAATATGGGGAATTTTTTGTGATACACCGT 421
Db      325 -----AGAGTCATGGGAATTTTTTATGGAACAAGTGAAGAACTCATTTATCAAAAAA 379

Oy      422 TAACAGAAAGCAVAAAAcagctaaagttaacaaactttaagaatttgaacaaatatpac 481
Db      380 TAGCAGATATGCAAGGAATTAACCGCTTTGCGAATTGAAAGGATTAGSTAAATATTTACC 439

Oy      482 AAACCTAATAACGCAATTTAGATGATATGGAATAATTPAAAAGCTACAAGTCCGTGAT 541
Db      440 AATTATATCTAACCGCTTGAAGAAATGGGAAGAAATCCAATTCGAAGTCGAGGTAGTT 499

Oy      542 TACCAcATCATCAGCAATTACAAAGCTGCCTTGACTCTTTPAAAATACGATTTGGAATG 601
Db      500 TAAATGTTCCCGGCCAGCCTTAGAGATG-----TGGAAATGATTTGAAATCC 550

Oy      602 TTCaAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTGTTTCAACTTGAAACTTATPAAAACGCTAT 661
Db      551 TGATATGTTTATTTACGAATATATGCCATCTTTAGAGTACAAATTTGAAATGATCAT 610

Oy      662 TAcTACCTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTCACTTTTAAATTTTAACTTAAcAAGGTGCTG 721
Db      611 TCCTTACTGTAATGCAATGGCACCAACTTTCATTTATCTGTATTTAAAGGCGGCTCA 670

Oy      722 AATTGCGTATGATGGAATGCAATATACATCTTTCaAAATGMACTTAATGCTGTGA 781
Db      671 TTTTGTGGAAGAAATGG-----GGATGTCAACAACATA 703

Oy      782 CATCAATGACTATTTATTAACCTTTTAAAAGAAATATATCTTAATATATGTAATTTGTG 841
Db      704 CTATTTAATACTATATATGATGTCAAATATGAACCTTATCTGCAAGATATTTCTATCTGTG 763

Oy      842 CAATTAACCTATAGAGGAAGCTAATAATAACTTCGAATGAACCTTAATATGAGTGAAGTA 901
Db      764 TAAATGTGATGAACCTGTGTTTGAcAAATTTAAAAAGGcACGAGCGCTTAACATATGGTGTG 823

```

; SEQ ID NO 71

```

? LENGTH: 2028
? TYPE: DNA
? ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (1) ... (2028)
? US-11-058-727-71

```

Query Match	2.9%	Score 65:	DB 71	Length 2028;
Best Local Similarity	47.5%	Pred. No. 0.0047;		
Matches 467;	Conservative 0;	Mismatches 435;	Indels 81;	Gaps 6
QY 2	TGAATCAAAATPAATAATAATGAATAATGAGATTATCGATTCAAGAATATATCTTACCTT	61		
Db 2	TGAGTCCAAATATATCAAAATGAAATATGAATATATATGATCGACACCTTCTACTGTGAT	61		
QY 62	CTAACAGAAATATTGATTCATTCTAGATACCTCTTACACAAATATATCCAAATCAACATTAC	121		
Db 62	CCAA-----TGATTTCAACAATATACCTTTTGGCGATATAGCCAAATAATGGCTATC	112		
QY 122	AAAAACAAATTAACAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGAAATACAAATATNGGATGA	181		
Db 113	AAATATNGATTTATTAAGATTATTTAAATATGTCTCGGGAAATGTAGTAAATACCTTG	172		
QY 182	ATTTCAGACATTTCCTAGTGTCTGATACAAATTCGTCACTTAATGTGAGGATTAATGTAT	241		
Db 173	GTTCACTCGAAGTACTTGTATAGCGGACAA---GATGACGCTAAGGCGGCAATTGATATAG	229		
QY 242	CCGGATCTGTGTAGCCGGTATAGGTGGGCTCACTTCTATATCCGGAACCGATATGAATPA	301		
Db 230	TAGGTAAATTACTATACAGTATTAAGGAGTCC-----ATTTG 265			
QY 302	TAGGTCTATATATATATCTTTTGGTACCCCTATCACTGTCTTTTGGCCGCGGGAGAAC	361		
Db 266	TTGGGCCGATATGTGAGTCTTTATCTCAACTATATGATATTTCTGTGGCCTTACGGGAA-	324		
QY 362	AAGACAAACAGATATGACACAAATTTATTAATGGGAGAAATTTTGTGTATACACCGT	421		
Db 325	-----AAGATCAATGGGAAATTTTATATGGAACAAGTAAAGAAATCTAATATCAAAAAA	379		
QY 422	TAAAGAAAGCATTAACAAGCTAAAGTTACAACTTTAGAAGATTATACAAATATTAC	481		
Db 380	TAGCAGAAATATGCAAGAAATTAAGCGCTTTCGGAATTAAGAGATTAAGTAAATATACC	439		
QY 482	AAAGCTATTAATACAGCATTTAGATGTGGAGAAATTTAAAAAGCTACAAAGCTCTGAT	541		
Db 440	AATATATCTAATCTAGCTGGCTGGAAGATGGAGAAATATCCATTTGCAATCGAGTTTTC	499		
QY 542	TACCAACCATCATCAGCATTTACACAAGCTGCTTGACTTTAAATATGATTTGAGATG	601		
Db 500	GAAGTGAGGTCCAGCCTTACAGA-----TGTGCGAAATCCATTTGAAATCC 547			
QY 602	TTCACAATGATTTTATTCGAGAAATATACGTTTCCAACTTGAACCTTTATTAAGCTAT	661		
Db 548	TGATATGTTTATTTACGCAATATATGCAATCTTTTATGATGACAAATTTTGAATGATCAAT	607		
QY 662	TACTACCTATTTATGCGCAGAGCTGTCTAATTTTCATTTAATTTATTTATTAACAAGGTGCTG	721		
Db 608	TCCTTACTGTATATGCAATGACGAGCAACCTTCATTTACTGTTTATTAAGAAGCGGTCA	667		
QY 722	AATTGGCTGATGAATGAAATGCAATATATCATCTTTCACAAATGGAACCTAATGTCTGAA	781		
Db 668	TTTTTGGAGAAATGG-----GGATGTCACAACTA 700			
QY 782	CATCAGATGACATATATAAATCTTTTAAAAAATAATATACCTAATATATATACTATTTGG	841		
Db 701	CTATTTAATATCTATATATGATGCTCAATGAACTTATCTGCAAAATTTCTGATCATGTG	760		
QY 842	CAAAATACCTATAGAGAAAGCTAAATAAATTTCGAACGAACCTATATATGAGTGAATGA	901		
Db 761	TAAAGTGTATGAAACGTGGTTTATGCAAAATTTAAAGGACGAGGCGCTAACAATGGGTTG	820		
QY 902	TATTTAATGATTTATGGAAGATATATGACTATTAATCTGTATTTAGATTAATATATGCTCAATTTT	961		

D <sub>b</sub>	821	ACATATACCAATTCCTCGTAGAGAAATGACACTGGCGGTTTTCAGATGTTGTCATTAATTC	880
Q <sub>y</sub>	962	CTTTTATGATATAAAGAGATAC	984
D <sub>b</sub>	881	CAATTTATGACACGCGACGTAC	903

```

RESULT 11
US-11-108-389-39
; Sequence 39, Application US/11108399
; Publication No. US20050261188A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnall
; APPLICANT: James F.H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
; TITLE OF INVENTION: Activity
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
; PRIOR FILING DATE: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: PasteSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 39
; LENGTH: 2028
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
; FEATURES:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2028)
US-11-108-389-39

Query Match      2.9%; Score 65; DB 7; Length 2028;
Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0047;
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 435; Indels 81; Gaps 6

QY      2 TGAATCAAAATAATPATATGATATGAGATTATCGATTCAAAGAATTATCTTATCCTT    61
DB      2 TGAATCCAAAATAATCAAAATGAAATATGAAATTTATAGATGCCACACTTCATCTGTAT    61

QY      62 CTAAACAAGAAATATGATCATCTGTAGATACCCTTACACAAGAAATATCCAATCAACATCAC    121
DB      62 CCAA-----TGATCTTAACAGATACCCTTTTGGCAATGAGCAACAAATGGCTAC    112

QY      122 AAAACACAATATTAACAAGAGTGCCTCATATGTGTCAAGAGAAATACAAATATGTGTAT    181
DB      113 AAATAATAGATTATTAAGATTATTTAAAAATGTCTCGCGGAAATCTATGTAATACCTG    172

QY      182 ATTTGAGACATTTGCTTAGTGCTGATACATATCTGCTGACGTTAGTGACAGTATCTATTGTAT    241
DB      173 GTTACACCTGAAGTACTGTGTAGCGGACAA--GATGACGTAAAGCGCAATTGATATAG    229

QY      242 CGGTATCTCTGTAGCGGTATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGSAACGATAGGAATPA    301
DB      230 TAGGTAAATTAATCAATCAAGGTTTAAAGGATCCC-----ATTG    265

QY      302 TAGTGTATATATATATCTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGAGAGAAC    361
DB      266 TTGGGCGGATAGTAGTCTTATATCTCAACTTATGTATATCTGTGGGCTTCAAGGGAA-    324

QY      362 AAGACAAAACATATNGACACACATTTATTAATAAGGAGAAATTTTGTGTATACCGGT    421

```



```

Db      325 -----AAGATGCAATGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCATTAATCAAAAA 379
Qy      422 TAACGAAAGACATTAACACAGTAAGTTACAACTTTGAGAGATTAGCAAAATATTAAC 481
Db      380 TACGAGAAATGCAAGGAATTAACCGCTTCGAAATTAAGAGATTGAAATTAATTAAC 439
Qy      482 AAGCTATTAATACAGCATTAATGATGAGAAATTAATAAAGACTCAAGCTCTGGAT 541
Db      440 AATTATATCTAACTGCGCTTGAAGATGGAGAAATTCATTTGAAATGCGAGTTTC 499
Qy      542 TACCACCATCATGACATTAACAACAGCTGCTGACTTTAAATACGATTTGAGATG 601
Db      500 GAAGTCAGAGTCAGCCTTAAGAA-----TGTCGAAATCGAATTTGAAATTC 547
Qy      602 TTCAACAATGATTTATTTGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAAACTTAATTAACGCTAT 661
Db      548 TGGATAGCTTATTTACCAATATATGCAATCTTTTGAAGTAGACAAATTTGAAGTACAT 607
Qy      662 TACTACCTATTTATGCGAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTTACAAACAGTCTG 721
Db      608 TCTTACTGATATGCAATGCGACCACTTCAATTAATGTTAAAGAGCGCTCA 667
Qy      722 AATTGCTGATGATGGAATGCAATATACATCTTCAAAATGAACCTAATGCTGAA 781
Db      668 TTTTGGAGAGAAATG-----GATGTCACAACTA 700
Qy      782 CATCAGATGCTATTAATTAATTTAAAGAAATATACCTAAATATATAGTAATGTTG 841
Db      701 CTATTAATTAATTAATGATGCTCAAAATGAACCTTAATGAGATATTCATCATCTG 760
Qy      842 CAATACCTTATGAGAGACATAATTAATTCGAAAGCAACCTAATATGAGATGAGTA 901
Db      761 TAAAGTGATGAACTGTTTACAAATTAAGGACAGCGCTAACAATGAGGTTG 820
Qy      902 TAATTAATGATTAATGAGATATATGACTATTAATGATTAATGATGCTCAATTTT 961
Db      821 ACRTAATCAATTCCTGATGAGAAATGACATGCGGCTTTTGAATGTTGCTGATTAATCC 880
Qy      962 CTTTATGATATTAAGAGATAC 984
Db      881 CAATTAATGACACGACGCTAC 903

RESULT 12
; Sequence 71, Application US/11108389
; Publication No. US20050261188A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnell
; APPLICANT: James F. H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
; CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 71
; LENGTH: 2028

```

```

; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1) ... (2028)
; US-11-108-389-71

Query Match      2.9%; Score 65; DB 7; Length 2028;
Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0047;
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 435; Indels 81; Gaps 6;

Qy      2 TGAATCAAAATTAATTAATGAAATATGATATGCAATTTCAAAATTTATCTTATCCTT 61
Db      2 TGAATCAAAATTAATTAATGAAATATGATATGCAATTTCAAAATTTATCTTATCCTT 61
Qy      62 CTAAAGAAATATTTGATCATTTAGATACCTTTACACAAATATCCAAATCAACATTAC 121
Db      62 CCAA-----TGATTTACAGATACCTTTTGGAAATGAGCCAAATGCGCTAC 112
Qy      122 AAAACCAATTAACAAGAGTGGCTCAATATGTCAGAGGAATPACAAATATGATGATA 181
Db      113 AAAATATGATATTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 172
Qy      182 ATTTGAGACATTTGCTAGTCTGATACAAATGCTGAGTTAGTACAGTACTATTTGAT 241
Db      173 GTTACCTGAAAGTACTTTAGGAGCA---GATGAGCTAAGCGCGCAATGATATAG 229
Qy      242 CCGTACTCTGTTACCGGTATAGTGGGCTCACTTATATTCGACCGATAGAAATTA 301
Db      230 TAGGTAAATTAATTAATCAAGTTTATAGGGGTCC-----ATTG 265
Qy      302 TAGGTCTATTAATTAATCTTTTGTACCTTAATCACTCTTTTGGCCGCGGAGAAC 361
Db      266 TTGGCCGATGATGAGTCTTTAATCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 324
Qy      362 AAGCAAAACAGTATGAGACAAATTTATTAATTAATGAGAAATTTTGTGATACACGT 421
Db      325 -----AAGATCAATGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAAGAACTCATTAATCAAAAA 379
Qy      422 TAAAGAAACATTAACACAGTAAAGTTACAACTTTGAGAGATTAGCAAAATATTAAC 481
Db      380 TAGCAGAAATGCAAGGAATTAAGCGCTTCGAAATTAAGAGATTGATTAATTAAC 439
Qy      482 AAGCTATTAATACAGCTTAATGATGAGAAATTAATAAAGCTACAGCTCTGGAT 541
Db      440 AATTATATCTAACTGCGCTTGAAGATGGAGAAATTCATTTGAAATGCGAGTTTC 499
Qy      542 TACCACCATCATGACATTAACAACAGCTGCTGACTTTAAATACGATTTGAGATG 601
Db      500 GAAGTCAGAGTCAGCCTTAAGAA-----TGTCGAAATCGAATTTGAAATTC 547
Qy      602 TTCAACAATGATTTATTTGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAAACTTAATTAACGCTAT 661
Db      548 TGGATAGCTTATTTACCAATATATGCAATCTTTTGAAGTAGACAAATTTGAAGTACAT 607
Qy      662 TACTACCTATTTATGCGAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTTACAAACAGTCTG 721
Db      608 TCTTACTGATATGCAATGCGACCACTTCAATTAATGTTAAAGAGCGCTCA 667
Qy      722 AATTGCTGATGATGGAATGCAATATACATCTTCAAAATGAACCTAATGCTGAA 781
Db      668 TTTTGGAGAGAAATG-----GATGTCACAACTA 700
Qy      782 CATCAGATGCTATTAATTAATTTAAAGAAATATACCTAAATATATAGTAATGTTG 841
Db      701 CTATTAATTAATTAATGATGCTCAAAATGAACCTTAATGAGATATTCATCATCTG 760
Qy      842 CAATACCTTATGAGAGACATAATTAATTCGAAAGCAACCTAATATGAGATGAGTA 901
Db      761 TAAAGTGATGAACTGTTTACAAATTAAGGACAGCGCTAACAATGAGGTTG 820
Qy      902 TAATTAATGATTAATGAGATATATGACTATTAATGATTAATGATGCTCAATTTT 961

```

Db 821 ACTATACCAATTCGGTAGAGAAATGACACTGGCGTTTGTAGATGTTGATTAATCC 880  
Qy 962 CTTTATGATATATTAAGAGATAC 984  
Db 881 CAATTTATGACACGACGATAC 903

RESULT 13  
US-11-121-086-96/c  
; Sequence 96, Application US/11121086  
; Publication No. US20050266459A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.  
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.  
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES  
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086  
; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107  
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3  
; SEQ ID NO 96  
; LENGTH: 139054  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Homo sapiens  
US-11-121-086-96

Query Match 2.9%; Score 65; DB 7; Length 139054;  
Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 0.01;  
Matches 361; Conservative 0; Mismatches 430; Indels 8; Gaps 3;

Qy 688 AATTTTCATTTTAAATTTATTTATTAACAAGATGCTGATTTGGCTGATGATGGAATGAGAT 747  
Db 43983 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 43924  
Qy 748 ATACATCTTCACAAATGGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTAATTAATTTTA 807  
Db 43923 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43868  
Qy 808 AAAGAAATTTACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 867  
Db 43867 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43808  
Qy 868 AAACCTGGAACGAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 927  
Db 43807 TAAATACATATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43748  
Qy 928 ACTATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 987  
Db 43747 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43688  
Qy 988 GATTCATTAAGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1046  
Db 43687 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43628  
Qy 1047 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1106  
Db 43627 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43568  
Qy 1107 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1166  
Db 43567 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43508  
Qy 1167 TACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1223  
Db 43507 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 43448  
Qy 1224 TACTATGCTACGACGAGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1283  
Db 43447 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43388  
Qy 1284 AAAAACTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1343

Db 43387 ATGAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 43328  
Qy 1344 TCCCTACTCCCTTCCTTCCATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1403  
Db 43327 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43268  
Qy 1404 TAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1463  
Db 43267 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43208  
Qy 1464 AACACTGATTTCAATTT 1482  
Db 43207 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43189

RESULT 14  
US-11-121-086-105  
; Sequence 105, Application US/11121086  
; Publication No. US20050266459A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.  
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.  
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES  
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086  
; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107  
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3  
; SEQ ID NO 105  
; LENGTH: 171486  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Homo sapiens  
US-11-121-086-105

Query Match 2.9%; Score 63.8; DB 7; Length 171486;  
Best Local Similarity 42.7%; Pred. No. 0.017;  
Matches 506; Conservative 0; Mismatches 667; Indels 12; Gaps 3;

Qy 433 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 492  
Db 16332 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16391  
Qy 493 ACAGACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 552  
Db 16392 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16451  
Qy 553 TCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 612  
Db 16452 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16511  
Qy 613 TTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 672  
Db 16512 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16571  
Qy 673 TATGCGAAGCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 732  
Db 16572 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16627  
Qy 733 GAATGGAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 792  
Db 16628 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16687  
Qy 793 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 852  
Db 16688 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16747  
Qy 853 AGAGAGACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 912  
Db 16748 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 16807

[illegible]

```

RESULT 15
US-11-058-727-41
1 Sequence 41, Application US/11058727
2 Publication NO. US20050261483A1
3 GENERAL INFORMATION:
4 APPLICANT: Andre R. Abad
5 APPLICANT: Ronald D. Flanagan
6 APPLICANT: Rafael Herrmann
7 APPLICANT: Theodore W. Kahn
8 APPLICANT: Albert L. Lu
9 APPLICANT: Billy Fred McCutchen
10 APPLICANT: James K. Presnail
11 APPLICANT: James F.H. Wong
12 APPLICANT: Cao-Guo Yu
13 TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Protei
14 TITLE OF INVENTION: Activity
15 FILE REFERENCE: 35718/287809
16 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
17 PRIORITY FILING DATE: 2005-02-15
18 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
19 PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
20 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
21 PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
22 PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320

```

```

; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FaastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 41
; LENGTH: 2025
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1) ... (2025)
US-11-058-727-41

```

Query Match	2.8%;	Score 63.4;	DB 7;	Length 2025;
Best Local Similarity	48.1%;	Pred. NO. 0.009;		
Matches 473;	Conservative	0;	Mismatches 426;	Indels 84;
				Gaps 7;

QY	2	GGAAATCAAAATAATTAATAATGAAATATGGAATTATGCAATTCAGAAATTAATCTTAACCTT	61
Db	2	TGAGTCCAAATTAATCAAAATGAAATATGAAATTTATGATGCGACACCTTCTACTTCTGTAT	61
QY	62	CTAACAGAAAATATGATCATTTCTAGATACCCCTTACACAAATATCCAAATCAACCATTCAC	121
Db	62	CCAA-----TGATTTCTAACAGATACCCCTTTTGGCAATGAGCCCAACAAATGGCCTAC	112
QY	122	AAAACACAAATTTACAAAGATGCGCTCAATATGTGTCAAGGGAAATACAAATATGTGTGAT	181
Db	113	AAAATATGAAATTAATTAAGATTAATTTAAAAATGTCTCGCGGAAATGTCTAGTATACCTTG	172
QY	182	ATTTCGAGACATTTGCTAGTGTCTGATATACAAATTGTGCAAGCTTATGTCAGGTAATCTGTAT	241
Db	173	GTTCACTCGAAAGTACTTGTTAGCGGACAA--GATGCACTAAGCCCGCAATTGATATAG	229
QY	242	CCGGTACTCTGTTAGCCGGTATAGGTGGCGTCACTTATATCCGACCGATAGAAATTA	301
Db	230	TAGTAATATTTCTATCAGATTTTAGGGGTCC-----ATTTG	265
QY	302	TAGGTCTATAATAATATCTTTTGGTACCCTATACACTCTTTTGGCCCGCGGAGAAC	361
Db	266	TTGGCCCATATGTGTGCTCTTATACTCAACTTATGATATCTGTGGCCTTCAGGGGAA-324	
QY	362	AAGACAAAACAGTATGACACAAATTTATTAATGGGAAAAATTTGTGTGATACACGT	421
Db	325	-----AAGATCAATGGGAAATTTTATGGAACAAATGAAAGACATTAATCAAAAA	379
QY	422	TACAGAAAGCATTAACAGCTTAAGTTTACAACTTTAGAAGATTTAGCAAAATTTAC	481
Db	380	TAGCAGAAATATGCAAGAAATTAAGGCTTTCCGAATTAAGAAATTAAGTAATTAATACC	439
QY	482	AAAGCTATATATACAGCATTTAGATGATTTGGAGAAAAATTAAGAACTACAGAGCTCGGAT	541
Db	440	AATTAATATCTAATCTCGCTGTAAGATGG--GAGGAAATCAATTCGAATCGAGGTT	496
QY	542	TACCAACATCATCAGCATTTACAACAGGTCCCTTGAATCAATTAATGCAATTTGAGATG	601
Db	497	TTCCGAGTCGAGGTCCCTTACGAGA-----TGTGCGAAATCAATTTGAATCC	544
QY	602	TTTCACAAATGATTTTATTTGAGAAATATACCTGTTTCCAACTTGAACTTATTAAGAGCTAT	661
Db	545	TGGAATGTTTATTTAGCAATATATAGCCATCTTTTAGATGACAAATTTTGAATACAT	604
QY	662	TACTACCTATTTATCCGACAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATACCAACAGGTGCTG	721
Db	605	TCTCTACTGTAATGTCANATGGCAGCAACCTTCATTTACTGTATTTAAAGAGCGGCTCA	664
QY	722	AATTGGCTGATGAATGAAATGCAATATATCACTCTTACAAATTTGAACCTATGCTGAA	781
Db	665	TTTTTGGAGAAAGAGGGAGTGTCAACAACTAAT-----	699
QY	782	CATCAGATGATCATATATACTTTTAAAGAAATATATACCTAAATATAGTAATATTTG	841
Db	700	--ATTAAATACATATATGATGCTCAAGAGAACTTACTGCAAGATATTTGATCACTGTG	757
QY	842	CAAAATCTATAGAGAGACTAAATTAACCTTGAAAGCAACCTAATATAGATGAGATG	901

Db	758	TAAAGTGTATGAACTGTTTACCAAAATTAAAGGACAGCGCTTAA	CAATGGGTTG	817
QY	902	TATTTAATGATTATCGAAGATATATGACTATTACTGTATTAGATATATCGCTCAATTTT		961
Db	818	ACTATTAACCAATTCCTGAGAGAAATGACACTGGCGGTTT	AGATGTTGTGCAATTATTCC	877
QY	962	CTTTTATGATATTAAGAGATAC		984
Db	878	CAATTATGACACACGACGATAC		900

Search completed: December 22, 2005, 01:21:25  
Job time : 278.51 secs

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 13:16:35 ; Search time 1786.45 seconds  
(without alignments)  
10345.703 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235  
Sequence: 1 gtgatcaataataataataa.....caactatgatcatgactaa 2235

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 9793542 seqs, 413468905 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 19587084

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : Published Applications NA Main:

1: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US07\_PUBCOMB.seq:\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US08\_PUBCOMB.seq:\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US09A\_PUBCOMB.seq:\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US09B\_PUBCOMB.seq:\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10A\_PUBCOMB.seq:\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10B\_PUBCOMB.seq:\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10C\_PUBCOMB.seq:\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10D\_PUBCOMB.seq:\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10E\_PUBCOMB.seq:\*  
10: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US11\_PUBCOMB.seq:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	2235	100.0	2235	8	US-10-782-570-1
2	2085	93.3	2085	8	US-10-782-570-3
3	1903.8	85.2	2208	8	US-10-783-417-1
4	161.2	7.2	4896	3	US-09-756-526A-3
5	161.2	7.2	4896	6	US-10-345-020-3
6	161.2	7.2	4896	6	US-10-342-821-3
7	117	5.2	15548	6	US-10-311-455-2128
8	100.6	4.5	3684	9	US-10-929-754-2
9	99.2	4.4	3673778	6	US-10-312-841-1
10	93.6	4.2	8056	8	US-10-473-126-386
11	86.8	3.9	8056	8	US-10-473-126-240
12	83.2	3.7	8056	8	US-10-473-126-386
13	79.6	3.6	3522	3	US-09-826-660-5
14	79.6	3.6	3522	3	US-09-837-961-7
15	79.6	3.6	3522	8	US-10-825-751-7
16	77.8	3.5	3504	5	US-10-089-678-2
17	77.8	3.5	3690	5	US-10-089-678-3
18	77.2	3.5	1959	7	US-10-614-076-13
19	77	3.4	18154	6	US-10-311-455-227
20	76.4	3.4	8056	8	US-10-473-126-240
21	75.6	3.4	1482	7	US-10-614-076-69
22	75.6	3.4	1956	7	US-10-614-076-51
23	75.6	3.4	1956	7	US-10-614-076-55

24	75.6	3.4	1956	7	US-10-614-076-57	Sequence 57, Appl
25	75.6	3.4	1959	5	US-10-232-665-1	Sequence 1, Appl
26	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-1	Sequence 1, Appl
27	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-15	Sequence 15, Appl
28	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-17	Sequence 17, Appl
29	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-19	Sequence 19, Appl
30	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-23	Sequence 23, Appl
31	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-25	Sequence 25, Appl
32	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-31	Sequence 31, Appl
33	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-31	Sequence 31, Appl
34	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-33	Sequence 33, Appl
35	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-35	Sequence 35, Appl
36	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-37	Sequence 37, Appl
37	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-41	Sequence 41, Appl
38	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-43	Sequence 43, Appl
39	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-45	Sequence 45, Appl
40	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-59	Sequence 59, Appl
41	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-65	Sequence 65, Appl
42	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-67	Sequence 67, Appl
43	75.6	3.4	1959	7	US-10-614-076-97	Sequence 97, Appl
44	75.6	3.4	2280	7	US-10-614-076-102	Sequence 102, App
45	75	3.4	5930	6	US-10-311-455-490	Sequence 490, App

## ALIGNMENTS

RESULT 1					
US-10-782-570-1					
; Sequence 1, Application US/10782570					
; Publication No. US20040210965A1					
GENERAL INFORMATION:					
APPLICANT: Carozzi, Nadine					
APPLICANT: Harzies, Tracy					
APPLICANT: Kozziel, Michael G.					
APPLICANT: Duck, Nicholas B.					
APPLICANT: Carr, Brian					
TITLE OF INVENTION: XMT-007, A Delta-Endotoxin Gene and					
TITLE OF INVENTION: Methods for its Use					
FILE REFERENCE: 045600/274144					
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/782, 570					
CURRENT FILING DATE: 2004-02-19					
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448, 812					
PRIOR FILING DATE: 2003-02-20					
NUMBER OF SEQ ID NOS: 17					
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0					
; SEQ ID NO 1					
; LENGTH: 2235					
; TYPE: DNA					
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis					
FEATURE:					
; NAME/KEY: CDS					
; LOCATION: (1)...(2235)					
US-10-782-570-1					
Query Match					
Best local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;					
Matches 2235; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;					
QY	1	GTGATCAAAATTAATTAATGAATGATGATTCGATTCGAAGAATTTTATCTATCT	60		
DB	1	GTGATCAAAATTAATTAATGAATGATGATTCGATTCGAAGAATTTTATCTATCT	60		
QY	61	TCTAACAGAAATATGATTCATTCAGATACCCCTTACACAAATTAATCCAAATCAACATTA	120		
DB	61	TCTAACAGAAATATGATTCATTCAGATACCCCTTACACAAATTAATCCAAATCAACATTA	120		
QY	121	CAAAACCAATTTCAAGAGATGCTCAATTTGTCAGGAAATPACCAATATGCGAT	180		
DB	121	CAAAACCAATTTCAAGAGATGCTCAATTTGTCAGGAAATPACCAATATGCGAT	180		
QY	181	AATTCGAGATTCGATGCTGATPACATTCCTGAGTAACTGACGACTACTTGTGA	240		
DB	181	AATTCGAGATTCGATGCTGATPACATTCCTGAGTAACTGACGACTACTTGTGA	240		

Db 181 AATTGAGACATTGCTAGTGTGATGCAATTCGTGACGTTAGTGCAGGTACTTATTTGTA 240  
 Qy 241 TCCGGTACTCTGTTAGCCGGATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAGATA 300  
 Db 241 TCCGGTACTCTGTTAGCCGGATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAGATA 300  
 Qy 301 ATAGGTGCTATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCCGCGAGAA 360  
 Db 301 ATAGGTGCTATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCCGCGAGAA 360  
 Qy 361 CAAGACAAAACGATAGGACCAATTTATTAATTTGGAGAAATTTTGTGATGACACCG 420  
 Db 361 CAAGACAAAACGATAGGACCAATTTATTAATTTGGAGAAATTTTGTGATGACACCG 420  
 Qy 421 TTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTGACAAATATTA 480  
 Db 421 TTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTGACAAATATTA 480  
 Qy 481 CAAGCTATATACAGCTTATGATGATTGGAGAAATTTAAAGACTACAACTCTGGA 540  
 Db 481 CAAGCTATATATACAGCTTATGATGATTGGAGAAATTTAAAGACTACAACTCTGGA 540  
 Qy 541 TTACACCATCATGAGCATTAACAAGCTGCTGACTCTTAATAATGCAATTTGAGAT 600  
 Db 541 TTACACCATCATGAGCATTAACAAGCTGCTGACTCTTAATAATGCAATTTGAGAT 600  
 Qy 601 GTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACTTAATAAACGTA 660  
 Db 601 GTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACTTAATAAACGTA 660  
 Qy 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGGTGCT 720  
 Db 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGGTGCT 720  
 Qy 721 GAATGGCTGATGATGGAATGACGATATACATCCTTCACAAACTTGAACCTTAATGCTGA 780  
 Db 721 GAATGGCTGATGATGGAATGACGATATACATCCTTCACAAACTTGAACCTTAATGCTGA 780  
 Qy 781 ACATCAGATGACTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTACTATTTGT 840  
 Db 781 ACATCAGATGACTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTACTATTTGT 840  
 Qy 841 GCAAATACCTTATGAGAGAGACTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATGATGAGAT 900  
 Db 841 GCAAATACCTTATGAGAGAGACTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATGATGAGAT 900  
 Qy 901 AATATTAATGATTTATGAGAGATATATGACTATTAATGATGAGATGAGAT 960  
 Db 901 AATATTAATGATTTATGAGAGATATATGACTATTAATGATGAGATGAGAT 960  
 Qy 961 TCTTTTATGATTAAGAGATACAAAGATCAATAGAGAAATGAGTGAATTAAT 1020  
 Db 961 TCTTTTATGATTAAGAGATACAAAGATCAATAGAGAAATGAGTGAATTAAT 1020  
 Qy 1021 GAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTGAA 1080  
 Db 1021 GAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTGAA 1080  
 Qy 1081 ATTCACCCCAATCTCGCTATATGGAATATTAATTAACGCTGAGGCTTGAATTT 1140  
 Db 1081 ATTCACCCCAATCTCGCTATATGGAATATTAATTAACGCTGAGGCTTGAATTT 1140  
 Qy 1141 TCATTTTATGATGAACTTATATTTTATACAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTAGTT 1200  
 Db 1141 TCATTTTATGATGAACTTATATTTTATACAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTAGTT 1200  
 Qy 1201 GGTATTTGGGAATCGTAATGATCTATCTTATGCTACGACGAACTGAAATTAATGGA 1260  
 Db 1201 GGTATTTGGGAATCGTAATGATCTATCTTATGCTACGACGAACTGAAATTAATGGA 1260  
 Qy 1261 GAAAGAACAGGTCCACCCACAAACAAATCTTAATGCAATTTGAACTCTATTAAGTTTCA 1320  
 Db 1261 GAAAGAACAGGTCCACCCACAAACAAATCTTAATGCAATTTGAACTCTATTAAGTTTCA 1320

Qy 1321 ATTGTACTGATAGACAGTAACCTCCTACTTCCCTTTTCTTAACATATATCTTAACAATT 1380  
 Db 1321 ATTGTACTGATAGACAGTAACCTCCTACTTCCCTTTTCTTAACATATATCTTAACAATT 1380  
 Qy 1381 AATCAATGGAATTTATTTAATTAATTCAGCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440  
 Db 1381 AATCAATGGAATTTATTTAATTAATTAATTCAGCTATGATTAATTAATTAATTAATTA 1440  
 Qy 1441 GGGAAATTAATCTAATGATTAATAAACAAGCTATTTCAATTTCCCTGTAATAAAGACTGT 1500  
 Db 1441 GGGAAATTAATCTAATGATTAATAAACAAGCTATTTCAATTTCCCTGTAATAAAGACTGT 1500  
 Qy 1501 AAACCAATTAATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560  
 Db 1501 AAACCAATTAATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560  
 Qy 1561 CAGTTTCTTTATTTATTAATTTCTTAATAATTTGATTAAGCTTAATTAATTAATTA 1620  
 Db 1561 CAGTTTCTTTATTTATTAATTTCTTAATAATTTGATTAAGCTTAATTAATTAATTA 1620  
 Qy 1621 GGTGCAATGAGATGACACAGTATGTTAATGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAA 1680  
 Db 1621 GGTGCAATGAGATGACACAGTATGTTAATGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAA 1680  
 Qy 1681 ATTACATGATCCCAAGCAATCAAGGTAAACAGCTTTGATTAACAACCTTAAGGTAAATTGA 1740  
 Db 1681 ATTACATGATCCCAAGCAATCAAGGTAAACAGCTTTGATTAACAACCTTAAGGTAAATTGA 1740  
 Qy 1741 GGAACCTGCTATACAGAGAGAAACCTTGTTTATTAACAAGTCAAGGGCTTTAGATTT 1800  
 Db 1741 GGAACCTGCTATACAGAGAGAAACCTTGTTTATTAACAAGTCAAGGGCTTTAGATTT 1800  
 Qy 1801 ACATGTAAGACTCCTAATTTTACACAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860  
 Db 1801 ACATGTAAGACTCCTAATTTTACACAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860  
 Qy 1861 GGTGCTGGAATACCTCTCTAATATATCTTTTACAAATACAGAGATTAATGAAATTAACA 1920  
 Db 1861 GGTGCTGGAATACCTCTCTAATATATCTTTTACAAATACAGAGATTAATGAAATTAACA 1920  
 Qy 1921 CCTCAACGACTCAACAACCTTTTCTGATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980  
 Db 1921 CCTCAACGACTCAACAACCTTTTCTGATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980  
 Qy 1981 TTTGGGATTTCCAAATTTCCAGTATGATTAACCTTAATTAATGAAACATACCAATT 2040  
 Db 1981 TTTGGGATTTCCAAATTTCCAGTATGATTAACCTTAATTAATGAAACATACCAATT 2040  
 Qy 2041 ATATTAATGATGAGATGATCAAAATCTTAATTTATCAATGATTAATTAATTAATTA 2100  
 Db 2041 ATATTAATGATGAGATGATCAAAATCTTAATTTATCAATGATTAATTAATTAATTA 2100  
 Qy 2101 CCAATTAATCTCTCTGATGACCCAAATTAAGAGAAACAAATTAATTAAGAACTATCAACA 2160  
 Db 2101 CCAATTAATCTCTCTGATGACCCAAATTAAGAGAAACAAATTAATTAAGAACTATCAACA 2160  
 Qy 2161 AAAATTAATCAATTTTCACAATCAATCAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2220  
 Db 2161 AAAATTAATCAATTTTCACAATCAATCAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2220  
 Qy 2221 TATGATTAATGATTA 2235  
 Db 2221 TATGATTAATGATTA 2235

RESULT 2  
 US-10-782-570-3  
 ; Sequence 3, Application US/10782570  
 ; Publication No. US20040210965A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Carozzi, Nadine  
 ; APPLICANT: Hargis, Tracy



```

1  APPLICANT: Kozielec, Michael G.
2  APPLICANT: Duck, Nicholas B.
3  APPLICANT: Carr, Brian
4  TITLE OF INVENTION: AXMI-007, A Delta-Endotoxin Gene and
5  TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use
6  FILE REFERENCE: 045600/274144
7  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/782,570
8  CURRENT FILING DATE: 2004-02-19
9  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,812
10 PRIOR FILING DATE: 2003-02-20
11 NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
12 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
13 SEQ ID NO 3
14     LENGTH: 2085
15     TYPE: DNA
16 ORGANISM: Bacillus thuringiensis
17 FEATURE:
18 NAME/KEY: CDS
19 LOCATION: (1)...(2085)
20 US-10-782-570-3

```

Query Match	93.3%	Score 2085;	DB 8;	Length 2085;
Best Local Similarity	100.0%	Pred. No. 0;		
Matches 2085; Conservative	0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;

Oy	151	ATGTCGCAAGGGAAATACAAATATGGTGAATAATTTGAGACATTTTCTAGTGTGATACA	210
Db	1	ATGTGTCAAGGGAAATACAAATATGGTGAATAATTTGAGACATTTTCTAGTGTGATACA	60
Oy	211	ATTGCTGCAGTTAGTGCAGGACTAATTTGATACCGGTACTCTGTTCACCGGTAAAGGTGG	270
Db	61	ATTGCTGCAGTTAGTGCAGGACTAATTTGATACCGGTACTCTGTTCACCGGTAAAGGTGG	120
Oy	271	CTCAGTTTCATATCCGGACCCGATAGGAATTAATATGGTCTATATATATCTTTTGGTACC	330
Db	121	CTCAGTTTCATATCCGGACCCGATAGGAATTAATATGGTCTATATATATCTTTTGGTACC	180
Oy	331	CTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGAGAAACAAGACAAACAGTATGACACAAATTAAT	390
Db	181	CTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGAGAAACAAGACAAACAGTATGACACAAATTAAT	240
Oy	391	AAATATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTATACGAAGACATAAACAAGCTAAAGTTA	450
Db	241	AAATATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTATACGAAGACATAAACAAGCTAAAGTTA	300
Oy	451	CAAACTTTAGAGGATTTAGACAAATATTTACAAGGTATTAATACAGATTTAGATGATGG	510
Db	301	CAAACTTTAGAGGATTTAGACAAATATTTACAAGGTATTAATACAGATTTAGATGATGG	360
Oy	511	AGAAATTTAAAAAGACTACAGAGCTCCTGTGATTAACAACATCATCAGACTTTACAACAAGCT	570
Db	361	AGAAATTTAAAAAGACTACAGAGCTCCTGTGATTAACAACATCATCAGACTTTACAACAAGCT	420
Oy	571	GGCTTGACCTTTAAATACGATTTTGAGATGTTCAACATGATTTTATGAGAAATACCT	630
Db	421	GGCTTGACCTTTAAATACGATTTTGAGATGTTCAACATGATTTTATGAGAAATACCT	480
Oy	631	GGTTTCCAACCTTGAACCTATATAAAGCTATTACTACTATTTATGCGCAAGCTGCTAAT	690
Db	481	GGTTTCCAACCTTGAACCTATATAAAGCTATTACTACTATTTATGCGCAAGCTGCTAAT	540
Oy	691	TTTCATTTAAATTTATTAACAACAAGTGTCTGAATTGGCTGATGATGGAATGCAGATATA	750
Db	541	TTTCATTTAAATTTATTAACAACAAGTGTCTGAATTGGCTGATGATGGAATGCAGATATA	600
Oy	751	CATCCTTCACAATTTGAACCTATATGCTGGAAACATCAGATGACATATTAATAA	810
Db	601	CATCCTTCACAATTTGAACCTATATGCTGGAAACATCAGATGACATATTAATAA	660
Oy	811	GAATATATACCTTAATATATGTATCTATTGTGCAAAATACCTATATGAGAAGACTTAATAAA	870
Db	661	GAATATATACCTTAATATATGTATCTATTGTGCAAAATACCTATATGAGAAGACTTAATAAA	720

QY	871	CTTGGAAACGAACCTAATAATGAGATGATATTTAATGATTTGTCGAAGATATATGACT	930
Db	721	CTTGGAAACGAACCTAATAATGAGATGAGATATTTAATGATTTGTCGAAGATATATGACT	780
QY	931	ATTACGTATATAGATATCTATGCGTCAATTTCTTTTATGATATATTAAGAGATACAAAGAT	990
Db	781	ATTACGTATATAGATATCTATGCGTCAATTTCTTTTATGATATATTAAGAGATACAAAGAT	840
QY	991	TCAAATAGAGAAATAGGCGGCAATTTAAATCTGAACCTTACAGAGAAATTTATACAACTGAA	1056
Db	841	TCAAATAGAGAAATATGCGGCAATTTAAATCTGAACCTTACAGAGAAATTTATACAACTGAA	900
QY	1051	ATTAATTTTGAACCGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGCTATATATGAAATAT	1110
Db	901	ATTAATTTTGAACCGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGCTATATATGAAATAT	960
QY	1111	AAATTTAACAGTTCAGGCGCTAGATATATTTCAATTTTATGATGAACTATATTTATACGA	1170
Db	961	AAATTTAACAGTTCAGGCGCTAGATATATTTCAATTTTATGATGAACTATATATTTATACGA	1020
QY	1171	AAAAATGAAACGTACGAGGATCGTTTATGTTGGTATTTGCGAATCGTAATAGATCTACTAT	1238
Db	1021	AAAAATGAAACGTACGAGGATCGTTTATGTTGGTATTTGCGAATCGTAATAGATCTACTAT	1080
QY	1231	GCTACGACAGGAACCTGAATATATATATGAGAAAGAACAGGTCACACCAACAAAACCT	1299
Db	1081	GCTACGACAGGAACCTGAATATATATATGAGAAAGAACAGGTCACACCAACAAAACCT	1140
QY	1291	TTAATATCAATTTGAAATCCTATTAATGTTCAATTTGTAACGTATACAGATATACCTCCTACT	1355
Db	1141	TTAATATCAATTTGAAATCCTATTAATGTTCAATTTGTAATGTATAGACAAATATCTCTACT	1200
QY	1351	TCCCGTTTTCCTAACATATATCTTTACAAATTAATCAAAATTTGAATTTATTTAATTAATTTCA	1410
Db	1201	TCCCGTTTTCCTAACATATATCTTTACAAATTAATCAAAATTTGAATTTATTTAATTAATTTCA	1260
QY	1411	CCTAGATAATAATTAACAATATTCAGCTGCGGGGGAATTTATCTAATGATATATATATATCAACT	1470
Db	1261	CCTAGATAATAATTAACAATATTCAGCTGCGGGGGAATTTATCTAATGATATATATATATCAACT	1320
QY	1471	GATTTTCAATTTCTGTRAAAAAAGACTGTAAACCAATTTATTAATCCAAATTTGTTTACCA	1533
Db	1321	GATTTTCAATTTCTGTRAAAAAAGACTGTAAACCAATTTATTAATCCAAATTTGTTTACCA	1380
QY	1531	AGCTATATACTATATATGATCAATTTTATCCAGTTTCTTATTTAATTAATTTCCATATAA	1590
Db	1381	AGCTATATATATATATGATCAATTTTATCCAGTTTCTTATTTAATTAATTTCCATATAA	1440
QY	1591	ATTGGATTTAGCGCTAAATATATATTTATATACAGTGCATTTAGATGAGACACAGTATGTT	1650
Db	1441	ATTGGATTTAGCGCTAAATATATTTATATACAGTGCATTTAGATGAGACACAGTATGTT	1500
QY	1651	AATAGAAATATGCAATATCGATTAATTAATTAATCAATGATCCAGCAATCAAAAGTATAC	1710
Db	1501	AATAGAAATATATGCAATATCGATTAATTAATTAATCAATGATCCAGCAATCAAAAGTATAC	1560
QY	1711	AGCTGTGATACAACTCTAAGATTTAGAAAGACCTGGTCAATACAGAGGAAACCTTGGTT	1770
Db	1561	AGCTGTGATACAACTCTAAGATTTAGAAAGACCTGGTCAATACAGAGGAAACCTTGGTT	1620
QY	1771	TATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTATGAGATTTACATGTATGAACTCTCTAATTTCTACAAATCT	1833
Db	1621	TATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTATGAGATTTCAATGTATGAACTCTCTAATTTCTACAAATCT	1680
QY	1831	TATTTACATTTAGACTTCGATACGCTAACAAATGCTGGAATTAATCTCTTCTATATATCT	1890
Db	1681	TATTTACATTTAGACTTCGATACGCTAACAAATGCTGGAATTAATCTCTTCTATATATCT	1740
QY	1891	CTTACCAATACAGAGAGTATATAGAAATACCACTCAAGACTCAACACACTTTTCTGGT	1955
Db	1741	CTTACCAATACAGAGAGTATATAGAAATACCACTCAAGACTCAACACACTTTTCTGGT	1800
QY	1951	ACAAATTTATTAATTTATCAATATACAGAGATTTTGGGATTTTTCAAATTTCAAGTACAGTA	2010



; SEQ ID NO 3  
 ; LENGTH: 4896  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
 ; FEATURES:  
 ; NAME/KEY: source  
 ; LOCATION: (1)..(4896)  
 ; OTHER INFORMATION: *Bacillus thuringiensis* supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon  
 ; OTHER INFORMATION: :29337  
 ; NAME/KEY: CDS  
 ; LOCATION: (1129)..(4458)  
 ; OTHER INFORMATION: product: Cry28Aa1 delta-endotoxin  
 ; PUBLICATION INFORMATION:  
 ; AUTHORS: Wojcieszowska, et al.  
 ; TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from *Bacillus*  
 ; TITLE: *thuringiensis* ssp. *finitimus*  
 ; JOURNAL: FEBS Lett.  
 ; VOLUME: 453  
 ; ISSUE: 12  
 ; PAGES: 46-48  
 ; DATE: 1999-06-18  
 ; DATABASE ENTRY DATE: \_\_\_\_\_  
 US-09-756-526A-3

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 3; Length 4896;  
 Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1e-18;  
 Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

Qy	303	AGGTGCTATTAATATCTTTTGGTACCCCTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGAGAAC	362
Db	1293	AGGTGTGATCTTAATATCTTTTGGTACCCCTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGAGAAC	1352
Qy	363	AGA---CAAAACGATATGACACAACTTTATTAATAATGGGAGAAATTTTGTGTATACACC	419
Db	1353	AGATCCAAAAAAATTTGTGTACATTTATGAAACAGGAGAAACCTTTTAAATCAAAAC	1412
Qy	420	GTAAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTAGACAAATATT	479
Db	1413	AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTAGCTCATCTAAATGGTTTAAAGATGATTT	1472
Qy	480	ACAAAGCTTAAATACGCAATTAGATGATTGGAGAAATTTAAAGACTACAAAGCTCTGG	539
Db	1473	AACGTACTATGAAAGACATTTAATGATGGAAGAAATCCAAATGCAAAATACGCGCAG	1532
Qy	540	ATTACCAACATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCTGACTCTTAAATACGATTGAGAA	599
Db	1533	ATTGGATACACAGA-----GATTTGAAAA 1556	
Qy	600	TGTTCACAATGATTTATTCGAGAAATACCTGCTTTCCAACTTGATTAATAAGCT	659
Db	1557	CGCTGATTTCAATTTGTGAAGCAATATGCCAACATCTCAACTTCCACGATATGACAAAT	1616
Qy	660	ATTACTACTATTTATGCGCAAGCTGTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAAGTGC	719
Db	1617	ATTATTAATGTGTGTAATACGAAAGCTGCAAAATTTACATTTGATTTATTAACAACAAGTGT	1676
Qy	720	TGAATTGGGTGATGATGAAATGCAATGCAATATACATCTTCACAAAATTTGAACCAATAGCTGG	779
Db	1677	ACAAATTCGGGATCAATGGAATGCAATGCAATCAACCACTTCAACCAAT-----GTTGAA 1727	
Qy	780	AACATCAGATGATATTAATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTAATATG	839
Db	1728	GTTCATAGGTAATTAATTAATGACAGCATATGGTATATATGAAAGATATATTAATTAATG	1787
Qy	840	TGCAATATACCTTATGAGAGAGACTAAATTAACCTTGAAGCAACCTAATATGATGAG	899
Db	1788	CACCAAGACATCCATTAAGAGATGATCACTTAAAGAAATCAGAAAAATCAACATGGA	1847
Qy	900	TATATTAATGATTTATGAAATATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGAT	959
Db	1848	TGCTTATTAACATATGCTGCAAAATGACCTTATATGATGATCTTGTGCGCACTTT	1907
Qy	960	TTCTTTTATGATATA 975	

Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

## RESULT 5

US-10-345-020-3  
Sequence 3, Application US/10345020  
Publication No. US20030150018A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Jana, Wojciechowska  
APPLICANT: Evgeny, Lewitin  
APPLICANT: Ludmila, Revina  
APPLICANT: Igor, Zalunin  
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR  
FILE REFERENCE: S-30913B  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/345,020  
CURRENT FILING DATE: 2003-01-15  
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158  
PRIOR FILING DATE: 2000-01-07  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5  
SOFTWARE: PatentIn version 3.0  
SEQ ID NO 3  
LENGTH: 4896  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
FEATURE:  
NAME/KEY: source  
LOCATION: (1)..(4896)  
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)  
OTHER INFORMATION: :29337  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1129)..(4458)  
OTHER INFORMATION: product: Cry28Aa1 delta-endotoxin  
PUBLICATION INFORMATION:  
AUTHORS: Wojciechowska, et al.  
TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus  
thuringiensis ssp. finitimus  
JOURNAL: FEBS Lett.  
VOLUME: 453  
ISSUE: 12  
PAGES: 46-48  
DATE: 1999-06-18  
US-10-345-020-3

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1e-18; DB 6; Length 4896;  
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

QY 303 AGGTGCTAATAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTGGCCCGGAGAGACA 362  
DB 1293 AGGTGCTAATAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTGGCCCGGAGAGACA 1352  
QY 363 AGA---CAAAAGATGAGACAAATTTAAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 419  
DB 1353 AGATCCAAAATAATTTGGTACCAATTAATGAAACACGAGAGAAACCTTTAAATCAAAC 1412  
QY 420 GTTAAAGAAAGCAATTAAGCTTAAGAACTTAAAGATTTAGCAAAATTT 479  
DB 1413 AATTTTACAGCTGTAAGAAAGCAATTAAGCTTAAATGTTTAAAGATTTATTT 1472  
QY 480 ACAAGCTAATAATCAGCATTAAGATTTGAGAAATTAATAAGACTACAGCTCCGG 539  
DB 1473 AAGCTAATGAAGAGATTTAATGATTTGAGAGAAATTCAGTGCATATGCGCAG 1532  
QY 540 ATTAACCAATCAATCAGCATTAACAAAGCTGCTTGAATTAATGATTTGAGAA 599  
DB 1533 ATTTGATACAGCA---GATTTGAAA 1556  
QY 600 TGTTCACAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCAACTGAAATTTAAAGAGCT 659  
DB 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCAACCACTCCACGATGACACATTT 1616

QY 660 ATTACTACTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAAGGTGC 719  
DB 1617 ATTATTAAGTTGGCTATACAGAGCTGCAATTTACATTTGAATTTATATCATCAGGTGT 1676  
QY 720 TGAATGGCTGATGATGGAATGAGATATATACATCTTCACAAAATGAACTTAATGCTGG 779  
DB 1677 ACAATTCGCGATCAATGGAATGCAATGCAACCAATTCACCAAT-----GTTGAA 1727  
QY 780 AACATCAGATGATATATTAATCTTTAAAGAAATATACCTTAATATATGTAATGATTTG 839  
DB 1728 GTCAATGATGCTAATATATACAGCACTATTGTTATATTAATTAATTTATTTG 1787  
QY 840 TGAATAATCTTAATGAGAGAGACTTAATTAATCTTCAAAAGAACTTAATATGAGATGAG 899  
DB 1788 CACCAAGATCAATCAATTAAGATTTGAATACCTTAAGATTCAGAAAATTCATCATGGA 1847  
QY 900 TATATTTAATGATTAATGAGAAATATATGATTAATTAATGATTAATGATTAATGCTCAAT 959  
DB 1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGAACTTAATGATTAATGATTAATGCTCAATTT 1907  
QY 960 TTCCTTTTATGATATA 975  
DB 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

## RESULT 6

US-10-342-821-3  
Sequence 3, Application US/10342821  
Publication No. US20030154510A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Jana, Wojciechowska  
APPLICANT: Evgeny, Lewitin  
APPLICANT: Ludmila, Revina  
APPLICANT: Igor, Zalunin  
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR  
FILE REFERENCE: S-30913C  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/342,821  
CURRENT FILING DATE: 2003-01-15  
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158  
PRIOR FILING DATE: 2000-01-07  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5  
SOFTWARE: PatentIn version 3.0  
SEQ ID NO 3  
LENGTH: 4896  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
FEATURE:  
NAME/KEY: source  
LOCATION: (1)..(4896)  
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)  
OTHER INFORMATION: :29337  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1129)..(4458)  
OTHER INFORMATION: product: Cry28Aa1 delta-endotoxin  
PUBLICATION INFORMATION:  
AUTHORS: Wojciechowska, et al.  
TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus  
thuringiensis ssp. finitimus  
JOURNAL: FEBS Lett.  
VOLUME: 453  
ISSUE: 12  
PAGES: 46-48  
DATE: 1999-06-18  
US-10-342-821-3

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1e-18;  
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

QY 303 AGGTGCTAATAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTGGCCCGGAGAGACA 362  
DB 1293 AGGTGCTAATAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTGGCCCGGAGAGACA 1352  
QY 363 AGA---CAAAAGATGAGACAAATTTAAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 419  
DB 1353 AGATCCAAAATAATTTGGTACCAATTAATGAAACACGAGAGAAACCTTTAAATCAAAC 1412  
QY 420 GTTAAAGAAAGCAATTAAGCTTAAAGAACTTAAAGATTTAGCAAAATTT 479  
DB 1413 AATTTTACAGCTGTAAGAAAGCAATTAAGCTTAAATGTTTAAAGATTTATTT 1472  
QY 480 ACAAGCTAATAATCAGCATTAAGATTTGAGAAATTAATAAGACTACAGCTCCGG 539  
DB 1473 AAGCTAATGAAGAGATTTAATGATTTGAGAGAAATTCAGTGCATATGCGCAG 1532  
QY 540 ATTAACCAATCAATCAGCATTAACAAAGCTGCTTGAATTAATGATTTGAGAA 599  
DB 1533 ATTTGATACAGCA---GATTTGAAA 1556  
QY 600 TGTTCACAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCAACTGAAATTTAAAGAGCT 659  
DB 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCAACCACTCCACGATGACACATTT 1616

```

|||||
Db 1293 AGGTGTGTAATTAATCATTTGGAACCTTGCTCCGCTTTTGCTGATCCAGAGGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACAGTATGACACATTTTAAATGGAGAAATTTTGTGATACCC 419
Db 1353 AGATCCAAAATAATTTGGTCAATTTATGAAAACCGAGAAACCTTTTAAATCAAA 1412
Qy 420 GTTAAAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTTCAACTTAAAGATTTTAAAGAAATTT 479
Db 1413 AATTTCACGCTGTAAAGAAATGACATTTAGCTCATTAAATGTTTTAAAGATTT 1472
Qy 480 ACAAGCTATTAATACAGATTTAGATTTGAGAAATTAAGAACTACAGAGCTCTG 539
Db 1473 AACGTAATTAAGAGATTTATGATTTGAGAGAAATCCAGTGAATATCTGCA 1532
Qy 540 ATTAACCAATCATCATGATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTAAATACATTTGA 599
Db 1533 ATGTGTATCAGAG-----GATTTGAAA 1556
Qy 600 TGTTCAGATTAATTTTATGAGAAATACCTGTTCCATGAACTTTAAAGCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGAACCAATATGCAAACTCCAGTTCACGATGACACTT 1616
Qy 660 ATTACTACCTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTTAAACAAGGTC 719
Db 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAGCTGCAAAATTTTCAATTTTATTCATCAAGTGT 1676
Qy 720 TGAATGCTGATGATGAATGAGATGACATATACCTTCAAAATGAACTAAATGCTG 779
Db 1677 ACAATTCGCGATCAATGAAATGACATCAACCAATTCACCAAT-----GTGAA 1727
Qy 780 AACATGATGATCTATTTAACTTTTAAAGAAATTTACTTAATTTACTATATG 839
Db 1728 GTATCAAGTATCTTATATGACGATTTGTAATTAATGAAAGATTAATTAATG 1787
Qy 840 TGAATATACCTATGAGAGATTAATTAATCTGAAACGAACCTAATATGAGTGA 899
Db 1788 CACCAAGATATCAATTAAGATTTGATCACTTTAAAGATCAAGAAATCACTGGA 1847
Qy 900 TATATTTAATGATTAAGAGATTAATGATGATTAATGATTAATGATTAATGCTCA 959
Db 1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATGATTTGTCGCAACTTT 1907
Qy 960 TTTCTTTTATGATATA 975
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923

RESULT 7
US-10-311-455-2128/c
; Sequence 2128, Application US/10311455
; Publication No. US20030143606a1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIERENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with the Immune System by Detect
; FILE REFERENCE: 5013.1014
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/311,455
; PRIOR FILING DATE: 2002-12-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/07537
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2424
; SEQ ID NO 2128
; LENGTH: 15548
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:

```

OTHER INFORMATION: chemically created genomic DNA (Homo sapiens)  
US-10-311-455-2128

```

Query Match 5.2%; Score 117; DB 6; Length 15548;
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 1.3e-10;
Matches 819; Conservative 0; Mismatches 1040; Indels 18; Gaps 6;

Qy 368 AACAGATGAGCAATTTATTAATGGAGAAATTTTGTGATACCGTTAACAG 427
Db 13398 ATAAATATACCGCATTAATATATGCTATTAATATATATTAATATATACGCT 13339
Qy 428 AAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTAAAGATTTAGACAAATTTACAA 487
Db 13338 CTAAATATATATATATTAATTAATTTACGATTAATTAATATATATATATATAT 13279
Qy 488 ATTAATACAGATTTGATGATTTGAGAAATTTAAAGATTAACAGCTCTGATTA 547
Db 13278 AAATATATATCTAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATAT 13219
Qy 548 CATCATGAGATTTACAAAGCTGCTTGAATCTTAAATATGATTTGAGAAATGTC 607
Db 13218 TATATCTAAATATATATATATTAATTAATATATATATATATATATATATAT 13159
Qy 608 ATGATTTTATTCGAAATATACCTGTTCCAACTTGAATTAAGCTATTAATAC 667
Db 13158 TAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13099
Qy 668 CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGCTGCTGA 727
Db 13098 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13042
Qy 728 CTGATGATGAGAAATGCAATTTATCATCTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGA 787
Db 13041 TACATATATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12983
Qy 788 ATGATTTTATTAATCTTTTAAAGAAATATATACCTTAATATGATTAATGCTGA 847
Db 12982 ATATAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12923
Qy 848 CTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATCTGAAACGAACCTAATATGATGAGTAT 907
Db 12922 TATATATACGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12863
Qy 908 ATGATTTATCGAAGATATATGATTTTATGATTTGATTAATGATGCTCAATTT 967
Db 12862 TAAATATATACGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12803
Qy 968 ATGATTAAGAGATTAACAAATTTCAATGAGAAATAGTGATTAATTAATCTGA 1027
Db 12802 ACGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12743
Qy 1028 CAAGAGAAATTTATACAACTGAAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTTGA 1087
Db 12742 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12684
Qy 1088 CCAATCTCGCTATATATGATTAATTTAAACGTTCAAGGCTTGAATTTATTT 1147
Db 12683 AAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12624
Qy 1148 TAGATGAAT-TATATTTTATACAAATTAAGAACTGAGGATCGTTTGTGTTT 1206
Db 12623 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12564
Qy 1207 GCGAATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1266
Db 12563 TAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12504
Qy 1267 ACAGGTCCACCAAGAAATCTTA-----ATACATTTGAATCTTAAAGT 1317
Db 12503 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12444
Qy 1318 TCAATGTAATGATGAGCAAGTAACTCTTACCTTCCCTTAAATATATATAT 1377

```

12443 ATATATTAACATATATACATATAATATATATATATACATATATACATATATAT 12384  
QY 1378 ATTAATCAAAATGAATCTTATTTAAATATACCTAGTATATATATATATATCACT 1437  
Db 12383 ATATTAAT 12324  
QY 1438 GGGGGGAAATTTAT 1497  
Db 12323 AACAT 12264  
QY 1498 TGTAAACCAAT 1557  
Db 12263 TAT 12204  
QY 1558 TCCAGATTTTCTTATATTA---TTATCTCTATATATATATATATATATATAT 1614  
Db 12203 TAT 12144  
QY 1615 TATATAGGTGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1674  
Db 12143 TAT 12084  
QY 1675 AAAAT 1734  
Db 12083 TAT 12024  
QY 1735 ATTAAGAGAGCTGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1794  
Db 12023 AAAAT 11964  
QY 1795 GAGATTCAT 1854  
Db 11963 TAT 11904  
QY 1855 ACAATGATGCTGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1914  
Db 11903 AT 11844  
QY 1915 ATACCACTCAACGATCAACATCTTCTGATCAATATATATATATATATATAT 1974  
Db 11843 TAT 11784  
QY 1975 GAGATTTTGGATTTTCCATTTTCAAGTACATATATATATATATATATATAT 2034  
Db 11783 TAAAT 11724  
QY 2035 CAATTAAT 2094  
Db 11723 AAAAT 11664  
QY 2095 TTTATACCAATTAATCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2154  
Db 11663 AAT 11604  
QY 2155 CAATCAAT 2214  
Db 11603 AT 11544  
QY 2215 ACAATGATGATATGA 2231  
Db 11543 AT 11527

## RESULT 8

US-10-929-754-2  
; Sequence 2, Application US/10929754  
; Publication No. US20050124803A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: ABDULLAH, MODH AMIR  
; APPLICANT: DEAN, DONALD H.  
; TITLE OF INVENTION: INSECTICIDAL CRYSTAL PROTEINS WITH ENHANCED TOXICITY  
; FILE REFERENCE: 22727/04179  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/929,754

; CURRENT FILING DATE: 2004-08-30  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/498,826  
; PRIOR FILING DATE: 2003-08-29  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43  
; SOFTWARE: Patent In Ver. 3.2  
; SEQ ID NO 2  
; LENGTH: 3684  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
US-10-929-754-2

Query Match 4.5%; Score 100.6; DB 9; Length 3684;  
Best Local Similarity 48.6%; Pred. No. 6,7e-08;  
Matches 705; Conservative 0; Mismatches 629; Indels 117; Gaps 11;

QY 824 AATATGTAATCTATGGAATATACCTATATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 883  
Db 812 AATATATGCAATGAT 871  
QY 884 CTATATGAGATGAGAT 943  
Db 872 CTATGAGAGAGATGAT 921  
QY 944 ATATCTATGCTCAATTTTCTTTTATATATATATATATATATATATATATATAT 1000  
Db 932 ATATATCTGCTCTTTTTCAGATATATATATATATATATATATATATATATATAT 991  
QY 1001 GAATATGAGAT 1060  
Db 992 ATATGAGAGAT 1051  
QY 1061 ACCGCTTATCTTAT 1120  
Db 1052 CTATGAT 1111  
QY 1121 GTTACAGGCTTAT 1180  
Db 1112 CTGAGCTAT 1163  
QY 1181 CGTACGAGAT 1240  
Db 1164 ATT-----TTATCTGCAATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1213  
QY 1241 GAACTGAAAT 1300  
Db 1214 TGCAAGAGATGAT 1255  
QY 1301 TTGAATCTTAT 1360  
Db 1256 ATCTTATCTATCAAT 1315  
QY 1361 CTAT 1420  
Db 1316 GCTCCCTCTAT 1362  
QY 1421 AATTAAT 1480  
Db 1363 -----GGTATCTTGTCTTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1414  
QY 1481 TTCTGTAAT 1540  
Db 1415 GGAACCAATTTTGTGATTTTCAACAAATGAGAACACCTATCAACCAACGTATAT 1474  
QY 1541 GTTATGTCATATTTAT 1600  
Db 1475 ATATATGCAAT 1513  
QY 1601 CGCTAAT 1660  
Db 1514 TAT 1573  
QY 1661 ATGCAAT 1720



[illegible][illegible]



Db 1714348 TAATATATATAAATATATATAAATATATA - TAAATAATATATATAAATAATATATA 1714290

Qy 1560 CCAATTTCTTTATTTATTTATTTCTATATAAATGGATAGGCGCTAAATATATTTATAC 1619

Db 1714289 TATATAATATATATATATAAATATATATAAATATATATATAAATATATATAA 1714230

Qy 1620 AGGTGATTAAGATGACACACAGTAGTGTATATAGAAATTAATGCAATATCAGATAAAT 1679

Db 1714229 TATATATAAATATATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAT 1714170

Qy 1680 AATTACATGATCCACGAAATCAAAAGTACAGCTTGTATACAACTCTTAGGTAATTGA 1739

Db 1714169 AAAATATATATATAAATATATATATAAATATATAAATATATAAATATATATA 1714110

Qy 1740 AGGACCTGTCATACAGAGGAACTTGTTATATTAACAAGCAAGGCGTTAGAGAT 1799

Db 1714109 TAAATATATATATAAATATATATATAAATATATATAAATATATATATAAATATATAT 1714050

Qy 1800 TACATGTAGAACTCTTAATCTACAAATCTTATTAACATTAGACTTCGATACGCTA --- C 1856

Db 1714049 AAAATATATATATAAATATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATA 1713990

Qy 1857 AAATGGCTGGAATATCTCTCTTAATATATCTCTTACAAATCCAGGAGTATAGAAAT 1916

Db 1713989 AAATATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAT 1713930

Qy 1917 ACCACCTCAACGACTCAACAACAACATTTTCTGCTCAATTTATATAATTTACATACCG 1976

Db 1713929 AAAATATATATAAATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATA 1713870

Qy 1977 AGATTTGGTATTTCCAAATTTCCAGATACAGTAAACATTACCTTTAAATCGAAACATACC 2036

Db 1713869 ATATATAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAA 1713810

Qy 2037 ATTTATTTTATATGTCGAGATGTATCAATTCATTTTAATCATTTGATTAATTTGAATT 2096

Db 1713809 ATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATA 1713750

Qy 2097 TATACCAATTAATCTCTGTCAGCCAAATAGAGAAAACAATAATTTGAAATCTATCCA 2156

Db 1713749 ATATATATATATATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATA 1713690

Qy 2157 AACAAAATATAATCATTTTTCACAAATCATCAAAAATTAATCTTTAAATATAGA 2210

Db 1713689 TA-AAAATATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATAAATATATA 1713637

RESULT 10

US-10-473-126-386/c

/ Sequence 386, Application US/10473126

/ Publication No. US20040234973A1

/ GENERAL INFORMATION:

/ APPLICANT: Epigenomics AG

/ TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell lineage

/ FILE REFERENCE:

/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126

/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258

/ SEQ ID NO 386

/ LENGTH: 8056

/ TYPE: DNA

/ ORGANISM: Artificial Sequence

/ FEATURES:

/ OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)

US-10-473-126-386

Query Match 4.2% Score 93.6; DB 8; Length 8056;

Best Local Similarity 43.4%; Pred. No. 1.6e-06;

Matches 847; Conservative 0; Mismatches 1079; Indels 26; Gaps 8;

297 AATAATGGGCTATTAATATATCTTTGGTACCCCAATCACTGCTTTGGCCGCGG 356

[illegible]

	TYPE: DNA	ORGANISM: Artificial Sequence	FEATURE:	OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
us-10-473-126-240				
Query Match	3.9%	Score 86.8;	DB 8;	Length 8056;
Best Local Similarity	43.3%	Pred. No. 2.7e-05;		
Matches	727;	Conservative	0;	Mismatches 932; Indels 21; Gaps 6;
540	ATTACCAACATCATCAGCATTCACAAACAGCGCTTCACTCTTAAATATGCAATTTGAGAA	599		
1700	ATTTTATTAATTTTATTAATAAAATTAATTTATGCTATTAATTAATAATTTTAAAA	1641		
600	TGTTCAACATGATTTTATTTGAGAAATPACTGGTTCCAACTGAAACTTAATAACGCT	659		
1640	TTTACGATTCGTTTATTTTCGATTTTAAAAATATTAATAATTAATAATTAATAAT	1581		
660	ATTACATCCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTTAATTTATTAACAAGGCGC	719		
1580	ATTAAATTTTAATTAATTTTAAAAAAATTAATTTTAAAAAATTTTAAAAATTTTAAACGAT	1521		
720	TGAATGGCTGATGAATGGAATGAGATPACATCTTCCAAATTTGAACTTAATGCTG	779		
1520	TTATATTTTATTTATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA	1463		
780	AACATCAGATGACTATTAATAACTTTTAAAAGAAATATPACTTAATATAGTAACTATTTG	839		
1461	TAAATAAATAATTTTATTTTAAAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	1402		
840	TGCAATPCCATATGAGAGAGACTTAATAACTTCGAACGAACTTAATATGAGATGAG	899		
1401	CGATATTAATTTTAAAAAAATTAATTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATTT	1342		
900	TATATTTAATGATTTATGCAATPATAATGACTATTACTGATTAATGATCTATCGCTCAAT	959		
1341	TTTATTAATAAATTTTAAATTAATTTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT	1288		
960	TTCTTTTATGATTAATAAGAGATACAAAGATTCATATGAGAAATAGCTGCAATTAAC	1019		
1281	TTTTATATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1222		
1020	TGAATTAACAAGAAATTTATACACTGAATTAATTTGACCGTCTTACTTACCTTGA	1079		
1221	TAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1162		
1080	AATTCACCCATCTCGCTAATATGAAATATTAATTTAACAGTTCAGGCTTAGATATT	1139		
1161	TATTAATTTTAAATTTTGAATATCGAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATA	1102		
1140	TTCAATTTTATGATGAATTAATTTTATTAATAAATAAATGAAACGTAACGGAATCGTTAGT	1199		
1101	AAAAAGTTAAAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	1042		
1200	TGATATTCGATCGTAATATGATCTTATGCTATCGACAGAACTGAATTAATATATG	1256		
1041	GAAATTAATAAATTAATAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	982		
1259	GAGAAAGAACAGTCCACCCACACAAATCTTATATCCATTTGAATCCATTAAGTTT	1318		
981	TATTTTATTCGTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	922		
1319	CAATGTATCGATGACAGATTAATCTGCTTCC-----CGTTTCTTAACATTAATCT	1372		
921	ACGACGAAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	862		
1374	TACATTAATCAATGAACTTTATTTAATAATTAATCACTTATGATTAATAATTAACATTT	1433		
861	AATTAATAAATAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	802		
1434	AGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAATAAACAAGATTTTCAATTTCCGTGTAATA	1499		
801	TAAATATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	742		

Qy	429	AAGCTATAAACAGGTAAAGTTACAACTTTGGAAGGTTTGGACAATTTACAACTTA	488
Db	327	AATTAATAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	386
Qy	489	TAATACAGCACTTGAATGAGAGAAATTTAAAAAGCTACAAAGCTCTGGATTACACC	548
Db	387	TAATTTAAATTTATTTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTAA	446
Qy	549	ATCATCGCAATTACAAACAAGCTGCTGACTTTAAATACGATTGAGAAATGTTCAA	608
Db	447	AAAAAAATTAATTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTA	506
Qy	609	TGATTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCACTTGAACTTATPAAAACGTATTAACAC	668
Db	507	TATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	562
Qy	669	TATTTATCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAAGCTCGAATGCG	728
Db	563	ATGTTTATTTAATTAATTTATTAATTTAATTAATTAATTTAATTAATTAATTAAT	622
Qy	729	TGATGAATGGAATGCGAGATATACATCTTCACAATTTGAACCTAATGCTGGACATCAG	788
Db	623	TTTAAAAATTTTAAAAATTAATTTTAAAAATTAATTTTAAAAATTAATTAATTA	682
Qy	789	TGACTATTTATTAACCTTTAAAAAGAAATATACCPAAATATAGTAACTATGCGAAATAC	848
Db	683	TAATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATTTAATTAATTTAATTAATTAATTAAT	742
Qy	849	CTATAGGAAGAAGCTAATATTAACCTTCGAAACGAACCTAATATGAGATGATATTTAA	908
Db	743	AAATTTTATTAATTTTAAAAATTTTATTAATTAATTTAATTAATTTAATTAATTTAA	802
Qy	909	TGATTATCGAAGATATATGACTATTACTGATTAAGATATAGTGCATTTTCTTTTA	968
Db	803	AATTAATTTTAAATGATTTTAAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTT	862
Qy	969	TGATATAAAGAGATACAAAGATTCAAATAGGAAGAAATAGTGGCAATTAACCTGAACTTAC	1028
Db	863	TTTTTTATGATTAATTAATTTTGGTAAATTA-----TTTAAATTTATTTATTTATTTTGG	917
Qy	1029	AAGGAATTTTATTAACAATGAAATTAATTTTGAACCGTCTTACTTACCTGGAATTCACC	1088
Db	918	TTGTTTTTGAATTAATTTTAAAAATTAATTTTATTTTATTTTAAATGAATTA	977
Qy	1089	CAATCTCGCTAATGGAATATATTTTAAACGCTGCGGCTTATTTTCAATTTT	1148
Db	978	AATTAATTAATTAATTTTAAAAATTAATTTTAAAAATTTTATTTATTTATTTTAA	1037
Qy	1149	AGATGAACCTAATTTTATTAACAATAATGAAGATAGGAAGTCTTATGCTGATATGC	1208
Db	1038	TTTTTGAATTTAATTAATTAATTAATTA--AAAAATTTGTTTATTTATTTGTTTTTTTAA	1094
Qy	1209	GAAATCGTAATGATCTAATTAATGCTAAGCAGGAACCTGAATATATATATGAGAGAAAC	1268
Db	1095	ATGTTTTTAAATGTTAATATTTGTTTTTAAATTTTATTTTGGTATTTGAAATTTTAAA	1154
Qy	1269	AGGTCACCAACAATAAACTTTAATACATTTGAATCTCTAATTAAGTTTCAATTTGATAC	1328
Db	1155	ATTAATTAATTTTGAATTTATTAATTAATTTTAAAAATTTTAAATTAATTAATTTTAAT	1214
Qy	1329	TGATAGACAAGTAATCTCTAATTTCCCTTTTCCTAACATTAATCTTCAATTAATCAAT	1388
Db	1215	TTTTTTAATTAATTAATTAATTTTGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1274
Qy	1389	TGAACTTTATTTAATTAATTAATCACTAGTAATTAATTAACATTTACGCTGGGGGAATTT	1448
Db	1275	TATTAATAATGTAATATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT	1334
Qy	1449	ATCTAATGATTAATTAATTAATCAATGATTTTCAATTTCCGTAAAAAAAGACGTGAACCAAT	1508
Db	1335	AATTAATAATTAATTTAAATTTTAAATTTTATTAATTAATTAATTTTATTTTATTAATTAAT	1394

Qy	1509	TATTAATCCAAATGGTTTATCCAGGTAATAAGTATATGTCATATTTATCCAGTTTC	1568
Db	1395	AATATGATT	1454
Qy	1569	TTTATTTTAAATTCCTATTAATAATGGATGACGCTAAAT--ATATATATACAGTGCA	1626
Db	1455	TTTTTTTAAATAAAATTAATTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATAA	1514
Qy	1627	TTAGATGACACACAGTAGTGAATATGAATAATGCAATATCGATGAATAATAATCA	1666
Db	1515	ATATTAATATGTATTAATAAAATTTTTTAATTAATAATTAATTTTAAAAATTAATTTAA	1574
Qy	1687	ATGATCCCAAGATCAAGGTATACAGTCGTGATCAAACTGAAGTAATGAAGACCT	1746
Db	1575	TTTATATATTTTAAATTAATTTATTAATTTTATATTTTAAAAAATGAATTAATGATTT	1634
Qy	1747	GGTCATACAGAGAAACTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAGATTTCATGT	1806
Db	1635	G--TAAAAATTAATAAAATTTATTTTAAATATATATAAAATTTTATTTTATTAATAAT	1692
Qy	1807	AGAACTCCTAATTCACACAATCTATATACATTTAGACTCGTACGTCACAATGTGCT	1866
Db	1693	ATTAATAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATAA	1753
Qy	1867	GGAATACTCTTCTAATATATCTCTTAACAATCCAGAGTAATGGA--ATACACCTCA	1925
Db	1753	ATTAATAAAATTTTTTAAATTTAAAAAATTTAAAAATTAATTAATGATATTAATTTTAA	1812
Qy	1926	ACGACTCAACAACCTTTTCTCGTACAAATTAATAATTTACAATCGAGATTTTG	1985
Db	1813	ATTAATTAATTAATTTTGTTTTAAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTTAAT	1872
Qy	1986	GTAATTCCAATTCACAGTACAGTACATTAATCTTTAAATGAAACATACCAATTAAT	2045
Db	1873	AATATATTTTATTTTTTTTATTAATTAATAATAAAATTTTATTAATAAAAAAAAAATATTA	1932
Qy	2046	TAAATCGTCAAGTATCAATTCATTTTATCTTGATTAATAATGAAATTTATACAAAT	2105
Db	1933	TTATTAATTAATTAATAAAAAAAAAATTAATTTTTTAAAAATAAAATTAATTAATTTTAT	1992
Qy	2106	TACTTCCTGTACGCAAAATAGAGAAAAAATAAAATTAAGAACTATCCAAACAAAT	2165
Db	1993	TTAAATTTTAATA----AAATTTTAATTAATTTTAATAATAATAATTTTAAATATTT	2048
Qy	2166	AAATATCAATTTTTCACAAATCAATACAAAAATATCTTAATATAGAGCCCAACTATGA	2223
Db	2049	---TTTATTTTTTAAAAATTTTATTTAAAAATTTTAAATATTTTAATAATTAATTA	2105

```

1      RESULT 13
2      US-09-826-660-5
3      ; Sequence 5, Application US/09826660
4      ; Patent No. US20010026940A1
5      ; GENERAL INFORMATION:
6      ; APPLICANT: Cardineau, Guy A.
7      ; APPLICANT: Stelman, Steven J.
8      ; APPLICANT: Narva, Kenneth E.
9      ; TITLE OR INVENTION: Plant-Optimized Genes Encoding Peactical Toxins
10     ; FILE REFERENCE: MA-714XC2D1
11     ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/826,660
12     ; CURRENT FILING DATE: 2001-04-05
13     ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/178,252
14     ; PRIOR FILING DATE: 1998-10-23
15     ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066,215
16     ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-12
17     ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/076,445
18     ; PRIOR FILING DATE: 1998-03-02
19     ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
20     ; SOFTWARE: Patentln Ver. 2.0
21     ; SEQ ID NO 5
22     ; LENGTH: 3522
23     ; TYPE: DNA
24     ; ORGANISM: Bacillus thuringiensis

```

US-09-826-660-5

Query Match	3.6%	Score 79.6;	DB 3;	Length 3522;
Best Local Similarity	53.3%	Pred. No. 0.00038;		
Matches 212;	Conservative 0;	Mismatches 159;	Indels 27;	Gaps 1;

QY	586	ATA	CGATTGGAAATGCTT	CA	CAATATTTTAT	TT	CGAGAAAT	AT	CTCGTTCCAA	CTTGA	645						
Db	388	ATT	CGATTTCCTAA	TAC	AGACGACG	CGCTTAA	TAA	ACGAA	TAAATTTT	TAC	ACTTAA	447					
QY	646	ACT	TATAAAACG	CTAT	TACTAC	CTAT	TTTAT	TATGCG	CAAGCTG	CTAA	TTTTCATTTT	TTAAATTTTA	705				
Db	448	AGT	TTTGAATTC	CCCTCTT	TAT	TACG	GTAT	GTGTT	CAAGCGG	CGAA	TTTACATTTT	TATAC	507				
QY	706	TTA	CAACGAAG	GTGCTGA	ATTG	CGCTGAT	GAAT	TGCAAT	TATACAT	CCTT	CCACAA	ATT	765				
Db	508	TTA	AGAGACG	CTGTAT	CGTTT	GCGGAGG	GTGGG	CACTG	GAATAT	GTCTA	CTGTTA	TAAAT	567				
QY	766	GAC	CTTATATG	CTGGA	CATC	AGAT	GTACTAT	TAT	ATAA	CTTTT	TAAAGAAAT	TAT	825				
Db	568	C-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	600				
QY	826	TAT	GTAACTAT	TGTG	CAAAAT	ACTAT	TAT	GAGAG	CACTAA	TAT	TAACTT	CGAAA	CGA	885			
Db	601	TAT	CGAAACAT	TGTGTT	TG	SACAT	TACAT	CA	AGATTTA	GAAAA	CTTAA	GAG	GTACT	AAAT	660		
QY	886	AAT	ATAGATG	ATGAG	TAT	TTTAT	TATGAT	TAT	CGAAG	TATAT	GACTAT	TAT	CTG	TAT	945		
Db	661	ACT	GCACAT	TGGCG	CAAGAT	CAAT	CA	TGAGTT	TG	SAGAA	AGATTTT	TAA	CACT	ACT	GTAT	TAGAT	720
QY	946	ACT	ATCGCT	CAATTTT	CTTTT	TAT	GAT	ATP	AA	GAGAT							983
Db	721	AT	CGTTGCT	CTTTT	TCG	AACT	CGAT	GT	TGA	CA	ATA						758

```

US-09-837-961-7
RESULT 14
Sequence 7, Application US/09837961
Publication No. US2004005860A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Payne, Jewel
APPLICANT: Sick, August
TITLE OF INVENTION: No. US2004005860A1el Bacillus thuringiensis Isolate Active Again
FILE REFERENCE: MA-43CPE2D3 and Genes Encoding No. US2004005860A1el Lepidopteran-Active Tox
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/837, 961
CURRENT FILING DATE: 2001-04-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/521,344
PRIOR FILING DATE: 2000-03-09
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/933,891
PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/356,034
PRIOR FILING DATE: 1994-12-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/210,110
PRIOR FILING DATE: 1994-03-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/865,168
PRIOR FILING DATE: 1992-04-09
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/451,261
PRIOR FILING DATE: 1989-12-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 371,955
PRIOR FILING DATE: 1989-06-27
NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 7
LENGTH: 3522
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
US-09-837-961-7

```

Query Match	3.6%	Score 79.6	DB 3	length 3522
Best Local Similarity	53.3%	Pred. No. 0.00038		
Matches 212; Conservative	0;	Mismatches 159;	Indels 27;	Gaps 1;







PA (ATHE-) ATHENIX CORP.  
XX  
XX Carozzi N', Hargiss T, Koziel MG, Duck NB, Carr B;  
XX MPI: 2004-635574/61.  
DR P-PSDB; ADR69397.  
XX  
XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids  
PT and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or  
PT for producing organisms with pesticide resistance.  
XX  
XX Claim 1; SEQ ID NO 8; 178bp; English.  
XX  
XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-  
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start  
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.  
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs  
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and  
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for  
CC killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the  
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are  
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,  
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for  
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-  
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the  
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or  
CC nucleic acids in products or organisms.  
XX  
XX Sequence 2235 BP; 861 A; 364 C; 316 G; 694 T; 0 U; 0 Other;  
SQ  
Query Match 100.0%; Score 2235; DB 13; Length 2235;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;  
Matches 2235; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;  
QY 1 GTGAATCAAAATTAATTAATGAATGAGATTATGCAATCAAAAGATTATCTTATCT 60  
DB 1 GTGAATCAAAATTAATTAATGAATGAGATTATGCAATCAAAAGATTATCTTATCT 60  
QY 61 TCTAACGAAATATGATTCATCTAGATACCTTACACAAATATCCAAATCAACATTA 120  
DB 61 TCTAACGAAATATGATTCATCTAGATACCTTACACAAATATCCAAATCAACATTA 120  
QY 121 CAAACACCAATTCAGAAAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGAATACCAATATGTGAT 180  
DB 121 CAAACACCAATTCAGAAAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGAATACCAATATGTGAT 180  
QY 181 AATTGAGACATTTGCTAGTGTGATGATTCGAGTGTAGTGAAGGACTATGTA 240  
DB 181 AATTGAGACATTTGCTAGTGTGATGATTCGAGTGTAGTGAAGGACTATGTA 240  
QY 241 TCCGGTACTGTGAGCCGATATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATGGAATA 300  
DB 241 TCCGGTACTGTGAGCCGATATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATGGAATA 300  
QY 301 ATAGGTGCTATTAATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTGGCCCGGAGAA 360  
DB 301 ATAGGTGCTATTAATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTGGCCCGGAGAA 360  
QY 361 CAAGACAAACAGATGAGACAAATTTAATAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420  
DB 361 CAAGACAAACAGATGAGACAAATTTAATAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420  
QY 421 TTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTGAAGAGATTGACAAATTTA 480  
DB 421 TTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTGAAGAGATTGACAAATTTA 480  
QY 481 CAAAGCTATTAATACGATTTGATGATTGAGAAAATTTAAAGACATCAAGCTCTGGA 540  
DB 481 CAAAGCTATTAATACGATTTGATGATTGAGAAAATTTAAAGACATCAAGCTCTGGA 540  
QY 541 TTACACCATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGACTCTTAATAATGATTTGAAAT 600  
DB 541 TTACACCATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGACTCTTAATAATGATTTGAAAT 600

QY 601 GTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTTAAAGCTTA 660  
DB 601 GTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTTAAAGCTTA 660  
QY 661 TTACTACATTTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGTGTCT 720  
DB 661 TTACTACATTTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGTGTCT 720  
QY 721 GAATGCGCTATGAATGAGATGCAATATGCAATTCCTTACAAATTTGAACCTTAATGCTGGA 780  
DB 721 GAATGCGCTATGAATGAGATGCAATATGCAATTCCTTACAAATTTGAACCTTAATGCTGGA 780  
QY 781 ACATCAGATGATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATATACCTTAATTAATGTAATTTGT 840  
DB 781 ACATCAGATGATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATATACCTTAATTAATGTAATTTGT 840  
QY 841 GCAAATACCTATGAGAGAGACTTAATTAATTTGAAAGCAAGCTTAATATGAGATGAGT 900  
DB 841 GCAAATACCTATGAGAGAGACTTAATTAATTTGAAAGCAAGCTTAATATGAGATGAGT 900  
QY 901 ATATTTAATGATTAATGAGATATATGATGATTAATTTAGATGATGATGCTCAATTT 960  
DB 901 ATATTTAATGATTAATGAGATATATGATGATTAATTTAGATGATGATGCTCAATTT 960  
QY 961 TCTTTTATGATTAATGAAGATCAAAAGATTCATATGAGAAAGATGAGCTTAATAACT 1020  
DB 961 TCTTTTATGATTAATGAAGATCAAAAGATTCATATGAGAAAGATGAGCTTAATAACT 1020  
QY 1021 GAACCTTAACAAGAAATTTTATACACTGAAATTAATTTGACCGTCTTACTTAACCTTGA 1080  
DB 1021 GAACCTTAACAAGAAATTTTATACACTGAAATTAATTTGACCGTCTTACTTAACCTTGA 1080  
QY 1081 ATTCAACCCCAATCTCGCTATTAATGAAATTAATTTAATTAACGTTCAAGGCTTAAATTT 1140  
DB 1081 ATTCAACCCCAATCTCGCTATTAATGAAATTAATTTAATTAACGTTCAAGGCTTAAATTT 1140  
QY 1141 TCAATTTTATGATTAATTAATTTTATTAACAAATTAATGAACGTAAGGAAATGTTAGTT 1200  
DB 1141 TCAATTTTATGATTAATTAATTTTATTAACAAATTAATGAACGTAAGGAAATGTTAGTT 1200  
QY 1201 GGTATGCGCAATGTAATGATGATTAATTTGCTATGCTGACGAGAACTGAATTAATTTGGA 1260  
DB 1201 GGTATGCGCAATGTAATGATGATTAATTTGCTATGCTGACGAGAACTGAATTAATTTGGA 1260  
QY 1261 GAAAGAACAGGTGACACCAACAAACAAATTTAATCAATTTGAATCCTTAATGAAGTTCA 1320  
DB 1261 GAAAGAACAGGTGACACCAACAAACAAATTTAATCAATTTGAATCCTTAATGAAGTTCA 1320  
QY 1321 ATTGTAAGTATGACAAAGTAACTCTTAATTTCCCTTTTCTTAACATATCTTTACAATT 1380  
DB 1321 ATTGTAAGTATGACAAAGTAACTCTTAATTTCCCTTTTCTTAACATATCTTTACAATT 1380  
QY 1381 AATCAATTAATGATTTTATTAATTAATTTACCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440  
DB 1381 AATCAATTAATGATTTTATTAATTAATTTACCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440  
QY 1441 GGGAAATTAATCTAATGATTAATAAACAACATGATTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGT 1500  
DB 1441 GGGAAATTAATCTAATGATTAATAAACAACATGATTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGT 1500  
QY 1501 AAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTTACAAAGCTAATTAATTAATTAATTTATCC 1560  
DB 1501 AAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTTACAAAGCTAATTAATTAATTAATTTATCC 1560  
QY 1561 CAGTTTCTTATTTATTAATTTTCTTAATTAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1620  
DB 1561 CAGTTTCTTATTTATTAATTTTCTTAATTAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1620  
QY 1621 GGTGATTAAGATGAGACACAGATGATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680  
DB 1621 GGTGATTAAGATGAGACACAGATGATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680



```

Qy 1681 ATTACAAATGATCCGAGCATCAAGATGATACAGCTGTGATACAAACTCTAAGTAATGAA 1740
Db 1681 ATTACATGATCCGAGCATCAAGATGATACAGCTGTGATACAAACTCTAAGTAATGAA 1740
Qy 1741 GGAAGCTGCTCATACAGAGGAACTGGTTATTTATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTGAAGATT 1800
Db 1741 GGAAGCTGCTCATACAGAGGAACTGGTTATTTATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTGAAGATT 1800
Qy 1801 ACATGTGAAGTCTCTAATTTCTACACAACTTTATTTACATTAAGTCTCCATAGCTTCAAAAT 1860
Db 1801 ACATGTGAAGTCTCTAATTTCTACACAACTTTATTTACATTAAGTCTCCATAGCTTCAAAAT 1860
Qy 1861 GGTGCTGGAATATCTCTCTAATATATCTCTAATATACAGAGTAATGGAATACCA 1920
Db 1861 GGTGCTGGAATATCTCTCTAATATATCTCTAATATACAGAGTAATGGAATACCA 1920
Qy 1921 CCTCAACGACTCAACAACTTTTCTGGAACAAATTATTAATTTACAAATACGAGAT 1980
Db 1921 CCTCAACGACTCAACAACTTTTCTGGAACAAATTATTAATTTACAAATACGAGAT 1980
Qy 1981 TTGGGTAATTTCCAAATTTCCAGTACATTAATCTTAAATCGAAACATACATT 2040
Db 1981 TTGGGTAATTTCCAAATTTCCAGTACATTAATCTTAAATCGAAACATACATT 2040
Qy 2041 ATATTTATCGTGAAGATGATCAATCAATTTATCATTTGATTAATTAATGAAATTTATA 2100
Db 2041 ATATTTATCGTGAAGATGATCAATCAATTTATCATTTGATTAATTAATGAAATTTATA 2100
Qy 2101 CCAATTAATCTCTCTGTAAGCCAAATATGAGAAAAAACAATAATGAAATATCCAAACA 2160
Db 2101 CCAATTAATCTCTCTGTAAGCCAAATATGAGAAAAAACAATAATGAAATATCCAAACA 2160
Qy 2161 AAAATTAATCAATTTTTCACAAATCATACAAATAATCTTTAATATATGAAAGCCAAAC 2220
Db 2161 AAAATTAATCAATTTTTCACAAATCATACAAATAATCTTTAATATATGAAAGCCAAAC 2220
Qy 2221 TATGATATTTGATTA 2235
Db 2221 TATGATATTTGATTA 2235

RESULT 2
ID ADR89398 standard; cDNA; 2085 BP.
AC ADR89398;
XX
XX 18-NOV-2004 (first entry)
DT
XX AKMT-007 alternative start site coding sequence.
XX
XX 88; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;
XX expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;
XX lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;
XX pesticidal activity.
XX Bacillus thuringiensis.
OS
XX
XX Key Location/Qualifiers
XX CDS 1..2085
XX FT /*tag= a
XX FT /product= "Alternative AKMT-007"
XX
XX W02004074462-A2.
XX
XX 02-SEP-2004.
XX
XX 20-FEB-2004; 2004WO-US005829.
XX
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448632P.
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448633P.
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448797P.
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448806P.

```

```

PR 20-FEB-2003; 2003US-0448810P.
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448812P.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00781979.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782020.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782020.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782096.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782141.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782570.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00783417.
XX
XX (ATHE-) ATHENIX CORP.
XX
XX Carozzi N, Hargiss T, Kozziel MG, Duck NB, Carr B;
XX WPI: 2004-635574/61.
XX
XX P-PSDB; ADR89399.
XX
XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids
XX and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or
XX for producing organisms with pesticide resistance.
XX
XX Claim 1; SEQ ID NO 10; 178bp; English.
XX
XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-
XX endotoxin coding sequences of the invention have alternative start
XX codons, producing more than one protein from a single open reading frame.
XX The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs
XX or expression cassettes for transformation and expression in plants and
XX bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for
XX killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the
XX delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are
XX useful for the production of organisms with pesticide resistance,
XX specifically bacteria and plants. These organisms are useful for
XX generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-
XX associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the
XX presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or
XX nucleic acids in products or organisms.
XX
XX Sequence 2085 BP; 794 A; 338 C; 302 G; 651 T; 0 U; 0 Other;
XX
XX Query Match 93.3%; Score 2085; DB 13; Length 2085;
XX Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
XX Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
Qy 151 ATGTGCAAGGATATACATATGATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATCA 210
Db 1 ATGTGCAAGGATATACATATGATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATCA 60
Qy 211 ATGCTGCAAGTATGAGATGATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATGATG 270
Db 61 ATGCTGCAAGTATGAGATGATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATGATG 120
Qy 271 CTCACCTTATATCCGAGCCGATATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATG 330
Db 61 ATGCTGCAAGTATGAGATGATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATGATG 180
Qy 121 CTCACCTTATATCCGAGCCGATATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATG 180
Db 331 CTCACCTTATATCCGAGCCGATATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATG 390
Qy 181 CTCACCTTATATCCGAGCCGATATGATATTTTCGAGATTTGATGATGATG 240
Qy 391 AAAATGGGAAATTTTGTGATATACCGTTTACAGAAACATTAACAGTAAAGTTA 450
Db 241 AAAATGGGAAATTTTGTGATATACCGTTTACAGAAACATTAACAGTAAAGTTA 300
Qy 451 CAAACTTTAGAGATTTAGCAAAATTTTACAAAGCTTATATACAGCTTATGATG 510
Db 301 CAAACTTTAGAGATTTAGCAAAATTTTACAAAGCTTATATACAGCTTATGATG 360
Qy 511 AGAAATTTAAAGATCAAGCTCTCGAGATTAACCATATATGATGATCAACAACT 570
Db 361 AGAAATTTAAAGATCAAGCTCTCGAGATTAACCATATATGATGATCAACAACT 420
Qy 571 GCCTGACTCTTAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 630

```

Db 421 GCCTTGACTTAAATAGATTGAGAAATGTTCAAGATGATTTTATTCGAAATACCT 480  
Qy 631 GGTTCACACTGAACTTATTAACGCTATTACTATCTATTATTCGCAAGCTGTAAT 690  
Db 481 GGTTCACACTGAACTTATTAACGCTATTACTATCTATTATTCGCAAGCTGTAAT 540  
Qy 691 TTTTCAATTAATTTATTAACAAGGCTGGAATTCGCTGATGAAATGCAATATTA 750  
Db 541 TTTTCAATTAATTTATTAACAAGGCTGGAATTCGCTGATGAAATGCAATATTA 600  
Qy 751 CATTCCTCAAGAAATGAACTTAATGCTGAAACATCAATGATCTATTATTAACCTTTAAA 810  
Db 601 CATTCCTCAAGAAATGAACTTAATGCTGAAACATCAATGATCTATTATTAACCTTTAAA 660  
Qy 811 GAAATATACCTTAATATAGTAATCTATTGCAAAATCTATAGAGAAGACTAAATAAA 870  
Db 661 GAAATATACCTTAATATAGTAATCTATTGCAAAATCTATAGAGAAGACTAAATAAA 720  
Qy 871 CTTTGAAACGAACCTTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTTGCAAGATATATGACT 930  
Db 721 CTTTGAAACGAACCTTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTTGCAAGATATATGACT 780  
Qy 931 ATTACGTATTAAGTACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATAAGATCAAGAT 990  
Db 781 ATTACGTATTAAGTACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATAAGATCAAGAT 840  
Qy 991 TCAATAGGAAGATAGGTGGCATTTAAACTGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAA 1050  
Db 841 TCAATAGGAAGATAGGTGGCATTTAAACTGAACTTACAGAGAAATTTATACACTGAA 900  
Qy 1051 ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCAACTCGCTATATAGAAAT 1110  
Db 901 ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCAACTCGCTATATAGAAAT 960  
Qy 1111 AATTTACAGGTCAGGCTTAGATATTTTCAATTTTATGATGAACTTAATTTTATACA 1170  
Db 961 AATTTACAGGTCAGGCTTAGATATTTTCAATTTTATGATGAACTTAATTTTATACA 1020  
Qy 1171 AAAAATGAAAGTACGCGAAATCGTTTATGTTGATTCGAATCGTAATAGATCTACTAT 1230  
Db 1021 AAAAATGAAAGTACGCGAAATCGTTTATGTTGATTCGAATCGTAATAGATCTACTAT 1080  
Qy 1231 GCTACGACAGGAAGTGAATTTATATGAGAGAAAGAAAGGTCACCCACACAAAACT 1290  
Db 1081 GCTACGACAGGAAGTGAATTTATATGAGAGAAAGAAAGGTCACCCACACAAAACT 1140  
Qy 1291 TTAATACATTTGATGCTTAATGCTTAAGTTCAATTCGATCTGATACAAAGTACCTCACT 1350  
Db 1141 TTAATACATTTGATGCTTAATGCTTAAGTTCAATTCGATCTGATACAAAGTACCTCACT 1200  
Qy 1351 TCCCTTTTCTTACATATATCTTACATTTATCAATTTGAACCTTTATTTAATTAATTTCA 1410  
Db 1201 TCCCTTTTCTTACATATATCTTACATTTATCAATTTGAACCTTTATTTAATTAATTTCA 1260  
Qy 1411 CCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATAAAAAACT 1470  
Db 1261 CCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATAAAAAACT 1320  
Qy 1471 GATTTTCAATTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1530  
Db 1321 GATTTTCAATTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380  
Qy 1531 AGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1590  
Db 1381 AGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440  
Qy 1591 ATTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1650  
Db 1441 ATTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500  
Qy 1651 AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1710  
Db 1501 AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560

Qy 1711 AGCTTGAATCAAACTCTAAGTAATTTGAAGACCTGTCATATCAGAGGAACTTGGT 1770  
Db 1561 AGCTTGAATCAAACTCTAAGTAATTTGAAGACCTGTCATATCAGAGGAACTTGGT 1620  
Qy 1771 TATTTCAAAATGCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTTACATATCT 1830  
Db 1621 TATTTCAAAATGCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTTACATATCT 1680  
Qy 1831 TATTTCAAAATGCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTTACATATCT 1890  
Db 1681 TATTTCAAAATGCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTTACATATCT 1740  
Qy 1891 CTTACAAATGCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTTACATATCT 1950  
Db 1741 CTTACAAATGCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTTACATATCT 1800  
Qy 1951 ACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2010  
Db 1801 ACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860  
Qy 2011 ACATTAACCTTTAATGGAACATACCATTTATTAATGTCGAGATGATCAAAATTC 2070  
Db 1861 ACATTAACCTTTAATGGAACATACCATTTATTAATGTCGAGATGATCAAAATTC 1920  
Qy 2071 ATTTATACATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2130  
Db 1921 ATTTATACATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980  
Qy 2131 GAAAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2190  
Db 1981 GAAAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040  
Qy 2191 AAAAAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2255  
Db 2041 AAAAAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085

RESULT 3  
ID ADR89394  
Xx ADR89394 standard, cDNA, 2208 BP.  
Xx AC ADR89394;  
Xx DT 18-NOV-2004 (first entry)  
Xx DE AXMT-006 coding sequence.  
Xx KW se; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;  
Xx KW expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;  
Xx KW lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;  
Xx KW pesticidal activity.  
Xx OS Bacillus thuringiensis.  
Xx FH Key Location/Qualifiers  
Xx FT CDS 1..2208  
Xx FT /\*tag= a  
Xx FT /product= "AXMT-006"  
Xx PN NC02004074462-A2.  
Xx PD 02-SEP-2004.  
Xx PF 20-FEB-2004; 2004MO-US05829.  
Xx XX  
Xx PR 20-FEB-2003; 2003US-0448632P.  
Xx PR 20-FEB-2003; 2003US-0448633P.  
Xx PR 20-FEB-2003; 2003US-0448797P.  
Xx PR 20-FEB-2003; 2003US-0448806P.  
Xx PR 20-FEB-2003; 2003US-0448810P.  
Xx PR 20-FEB-2003; 2003US-0448812P.  
Xx PR 19-FEB-2004; 2004US-00781979.

CC This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-  
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start  
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.  
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs  
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and  
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for  
CC killing lepidopteran or coleopterian pests. Compositions containing the  
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are  
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,  
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for  
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-  
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the  
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or  
CC nucleic acids in products or organisms.

Query Match	85.2%	Score 1903.8;	DB 13;	Length 2208;
Best Local Similarity	92.2%	Pred. No. 1.1e-305;		
Matches 2030; Conservative	0;	Mismatches 162;	Indels 9;	Gaps 2;

QY	8	AAATATATATATATATGAAATGAGATTTATGATTCGAAAGAAATTTATCTTATCCTTTACACA	67
Db	11	ATTAAGCATATATTAACGAATATATGAAATTAATTTGATATCCATACCTTATTTTCCAGACA	70
QY	68	GAATATTTGATCATTTCTAGATACACCTTACACAATATATCCAATTCACACCTTACAAAACA	127
Db	71	GAAACAGTATATGATTTCTATATACCTTACACAATATATCCAAATTCACACCTTACAAAACA	130
QY	128	CAAAATTCACAAAGATGCGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGCTGATTAATTCG	187
Db	131	CAAAATTCACAAAGATGCGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGCTGATTAATTCG	190
QY	188	AGACATTTGCTATGCTGCTATACAAATTTGCTGACGTTATGTCAGGTCATATTTGATCCGGTA	247
Db	191	AGACATTTGCTATGCTGCTATACAAATTTGCTGACGTTATGTCAGGTCATATTTGATCCGGTA	250
QY	248	CTCTGTTAGCCGGTATAGGTGCGGCTCACTTCTATATCCGGACCGGATAGAAATATAGTG	307
Db	251	CTCTGTTAGCCGGTATAGGTGCGGCTCACTTCTATATCCGGACCGGATAGAAATATAGTG	310
QY	308	CTATATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGGAGAACAAAGCA	367
Db	311	CTATATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGGAGAACAAAGCA	370
QY	368	AAACAGTATGACACAAATTTATTTAAATGSGAAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAG	427
Db	371	AAACAGTATGACACAAATTTATTTAAATGSGAAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAG	430
QY	428	AAAGCATTAACAAGCTTAAGTTTCAAACTTTAAGAGATTTAACAACAAATTTTCAAAAGCT	487
Db	431	AAAGCATTAACAAGCTTAAGTTTCAAACTTTAAGAGATTTTCAAAATTTTCAAAAGCT	490
QY	488	ATATATACAGCATTTAGATGATTTGGAGAAATTTAAAGATCTACAGCTCCCTGATTAACAC	547

Db	491	ATAATACAGCATTAAGATGATTGGAAATTTAAAGACATACAAAGCTCCGGAATTACAC	550
Qy	548	CATATCAGCATTTCAACAAAGCTCCCTTGACTCTTAAATATCGAATTTGAGATTTGACA	607
Db	551	CATATCAGCATTTCAACAAAGCTCCCTTGACTCTTAAATATCGAATTTGAGATTTGACA	610
Qy	608	ATGATTTTATTCGAGAAATATCTGGTTTCCAACTTGAACTTATTAACCGTATTTACTAC	667
Db	611	ATGATTTTATTCGAGAAATATCTGGTTTCCAACTTGAACTTATTAACCGTATTTACTAC	670
Qy	668	CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTGATTTGG	727
Db	671	CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTGATTTGG	730
Qy	728	CTGATGATATGGAATGACGATATATACCTTCAACAAATGGAACCTAATGCTGAACATCAG	787
Db	731	CTGATGATATGGAATGACGATATATACCTTCAACAAATGGAACCTAATGCTGAACATCAG	790
Qy	788	ATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTTAATATATGTAAGTATGTGCAATA	847
Db	791	ATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTTAATATATGTAAGTATGTGCAATA	850
Qy	848	CCATATGAGAAAGACATAATTAACCTTGAAACGAACCTATATGATGAGATATATTTA	907
Db	851	CCATATGAGAAAGACATAATTAACCTTGAAACGAACCTATATGATGAGATATATTTA	910
Qy	908	ATGATTTATCCGAAAGATATATGACTATTACTGATATAGATACATATGCGTCAATTTCTTTT	967
Db	911	ATGACTATGGAAGATATATGACATATCTGATTTAGAAACCATCTCTCAATTTCTTTAT	970
Qy	968	ATGATTTATTAAGATATACAAAGATTCAATAGGAAGAAATG-----GTGGCATTTAAACTG	1021
Db	971	ATGATTTATTAAGATATATGAGATTTCAATAGGAAGATATGAAAGTAAAGCATTTAAGATG	1030
Qy	1022	AACTTACAGGAATTTATTAACAATGAAATTTTGAACCGTCTTACTTAACCTTGAA	1081
Db	1031	AACTTACAGGAATTTATTAACAATGAAATTTTGAACCGTCTTACTTCAACTTGAG	1090
Qy	1082	TTCAACCCCAATCTGCGTATTAATGGAATTTATTAACACGTTGAGGCTTATGATTTT	1141
Db	1091	TTCAACCCCAATCTGCGTATTAATGGAATTTATTAACACGTTGAGGCTTATGATTTT	1150
Qy	1142	CATTTTATGATGAACCTATATTTATTTATCAAAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTAGT	1201
Db	1151	CATTTTATGATGAACCTATATTTTATTTATACGAAAAATCAAAATTTGGGAATCGTTTAGT	1210
Qy	1202	GTATTCGCAATCGTATATAGATCTATCTTATGCTACGACGAACTGAAATTTATATATGAG	1261
Db	1211	GTATTTCTATATCGTATGACCTATCTTATATGCAATATGATATGAAACCTTATATATGAG	1270
Qy	1262	AAAGAACAGGCTCCACCCCAACAAACCTTTATATACATTTGGAATCTATATAAGTTTCA	1321
Db	1271	AAAGAACAGGCTCCACCCCAACAAACCTTTATATACATTTGGAATCTTATATAAGTTTCA	1330
Qy	1322	TTGTAACGATAGACAAAGTATCTCTTCTCCCTTTCCTAACATATATCTTGAACAATTA	1381
Db	1331	TTGTAACGATAGACAAATCACCTCTCTGTTTCCCTTAATC--AACCACTTTATTAATTA	1387
Qy	1382	ATCAAAATGAACTTTATTTAAATATTAATCACTTAAATTAATTAACATATTCAGCTGGG	1441
Db	1388	ATCAAAATGAACTTTATTTAAATATGCGTCATTAACACACCTCAAAATTTCAACAGAG	1447
Qy	1442	GGAATTTATCTAATGATTAACAAACAACTGATTTTCAATTTCTGTTAAAAAAGACTGTA	1501
Db	1448	GCGCTTATATCTAATTAATCAAAACAACTTTTTCATTTCTTAAGAAAAAAGACTGTA	1507
Qy	1502	AACCAATTAATTAATCAAAATGTTTACCAAGCTAATATAGTTATAGTCAATTTTATCC	1561
Db	1508	ATCTAATGTTATGATCCAGGTTGTTCAACCAACTTTAATATATATATGCTAATTTTATCC	1567
Qy	1562	AGTTTCTTTATTTAATTAATTCCTATAAATTTGAGATTAAGCGCTAATATATTAATACAG	1621

```

Db      1568 ATTTTCATTATTACTTATTCTATGTGATTGATTACAGCTACAAATATTAGATACAG 1627
Qy      1622 GTGCTATTAGTAGGACACACAGTAGTGTATATAGAAATATGCAATATCAGATTAATTA 1681
Db      1628 GTGATTTAGATGACACACAGTAGTGTATATATATATATATATATATATATATATAT 1687
Qy      1682 TTACATATGATCCGACGATCAAGATTAACAGTCTTGTATACAACTTAAGTAAATTAAG 1741
Db      1688 TTACATATGATCCGACGATCAAGATTAACAGTCTTGTATACAACTTAAGTAAATTAAG 1747
Qy      1742 GACCTGCTATACAGGAGGAACTTGTATATTTACAAAGCAAGGCGTTTAGAGTTA 1801
Db      1748 GACCTGCTATACAGGAGGAACTTGTATATTTACAAAGCAAGGCGTTTAGAGTTA 1807
Qy      1802 CATGTAGACCTCTTAATTTCTACACAACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1861
Db      1808 CATGTAGACCTCTTAATTTCTACACAACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1867
Qy      1862 GTGCTGAAATATCTTCTCTATATATCTCTTACATATCCAGAGTAAATAGAAATACAC 1921
Db      1868 GTGCTGAAATATCTTCTCTATATATCTCTTACATATCCAGAGTAAATAGAAATACAC 1927
Qy      1922 CTCAGACATCAACACACTTTTCTGTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1981
Db      1928 CTCAGACATCAACACACTTTTCTGTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1987
Qy      1982 TTGGGATTTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTAACTTACCTTTAAATTCGAAACATACATTTA 2041
Db      1988 TTGGGATTTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTAACTTACCTTTAAATTCGAAACATACATTTA 2047
Qy      2042 TATTATATCGTCAGATGATCAAAATTCATTTTAATCAATTTGAATTAATTTGAATTTATAC 2101
Db      2048 TATTATATCGTCAGATGATCAAAATTCATTTTAATCAATTTGAATTAATTTGAATTTATAC 2107
Qy      2102 CAATTAATCTCTCTGTACGCGCAAAATTAAGAGAAACAAATTAAGAACTATCCAAACAA 2161
Db      2108 CAATTAATCTCTCTGTACGCGCAAAATTAAGAGAAACAAATTAAGAACTATCCAAACAA 2167
Qy      2162 AAATTAATTAATTTTTCACAAATCATACAAATTAATTAATTTA 2202
Db      2168 AAATTAATTAATTTTTCACAAATCATACAAATTAATTAATTTA 2208

RESULT 4
AAN93054 standard; DNA; 3940 BP.
XX
AC      AAN93054;
XX
DT      27-AUG-2003 (revised)
DT      25-MAR-2003 (revised)
DT      30-MAY-1990 (first entry)
XX
DE      Delta-endotoxin crystal protein gene.
XX
KW      Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; sr; pcc130;
XX      biological control agent.
XX
OS      Bacillus thuringiensis; israelensis.
XX
PH      Key
FT      RBS      Location/Qualifiers
FT      RBS      879..884
FT      CDS      /*tag= b
FT      CDS      /label= Shine-Dalgarno sequence
FT      CDS      891
FT      CDS      /*tag= a
FT      CDS      /product= "delta-endotoxin"
XX
PN      BP296870-A.
XX
PD      28-DEC-1988.
XX
PF      24-JUN-1988; 88BP-00305772.

```

```

XX      26-JUN-1987; 87US-00067653.
PR      (DUPO) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.
PA
XX      Ellar DJ, Ward ES;
XX      WPI; 1989-001322/01.
DR      P-PSDB; AAP94035.
XX
PT      DNA fragment encoding insecticidal protein - obtd. from Bacillus
PT      thuringiensis sub species israelensis, and used in microorganisms and
PT      plant cells.
XX
PS      Disclosure; Fig 5; 26pp; English.
XX
CC      The nucleotide sequence is an insert in plasmid pcc130. The delta
CC      endotoxin protein is insecticidal and can be used to control insect pests
CC      esp. mosquitoes. See also AAN93059. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA
CC      field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX
SQ      Sequence 3940 BP; 1457 A; 603 C; 659 G; 1221 T; 0 U; 0 Other;

Query Match      17.2%; Score 384.6; DB 1; Length 3940;
Best Local Similarity 52.8%; Pred. No. 1,7e-54;
Matches 1178; Conservative 0; Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;

Qy      12 TAATTAATTAATGAATATGATATATGATTCATCAAGAAATTTATCTTATCTTCTTAACGAAA 71
Db      899 TTATCAAAATTAATAAAGATATGAACATTAATTAATGCTTCCAAAATAATTAATTAATATC 958
Qy      72 TATTGATCATTTAGATACCTTACACAAATTAATCAACATTAACAAACAA 131
Db      959 TAATTAATTAATACAGATATCAATAGAAAATGTCAAAACATTTTTCAAAGTACAAA 1018
Qy      132 TTACAAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGATATACAAATATGTGATTAATTTGAGAC 191
Db      1019 TTATTAAGATGGCTCAATATGTGTCAACAGATACAGATATGAGGATTTGAAAC 1078
Qy      192 ATTGCTAGTGCATGATCAATGCTGAGTTAGTAGAGGATCAATTTGATTCGGTACTCT 251
Db      1079 TTTTATTTGAT-----AGTGTAATCTCAATGCTTACTTATTTGATTTGGACCGT 1129
Qy      252 GTTAGCCGTATATGATGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGATATATAGTCTAT 311
Db      1130 ACTGACTGCT-----TTGGGTTTCAACAACCCCTTAGACTTGC 1168
Qy      312 AATTAATATCTTTTGTATACCTTATCACTGTCTTTTGGCCGCGGAGAACACAAAC 371
Db      1169 TTTAATATAGTTTGTGTATCAATTAATTAACAGTTCTTTTCCAGCCCAAGACCAATCTAAC 1228
Qy      372 AGTATGACACAAATTTATTAATATGGAGAAATTTTGTGATACCCGTTAAC- GAA 430
Db      1229 ---ATGAGTGCATTTATTAACAAACATAAATAATTAATAAAGAAATATACATCAAC 1285
Qy      431 GCATTAACACAGCTTAAGTTTACAACTTTAGAGATTTTGAACAATATTTCAAGCTATA 490
Db      1286 ATATATATAGTAATGCTAATTAATTTTAAACAGTGTGTTTAATGTTATACGACTATCA 1345
Qy      491 ATACAGATTAATGATGATTTGAGAAATTAATAAGACTTACAGTCTCTGATTAACCAAT 550
Db      1346 TAATCACTTAATAACATGGAGAAATATCAAAACCAACAAATATCAAGATTAAGGA- 1404
Qy      551 CATCAGATTAACAACAAGTCCCTTGACTTAAATTAATGATTTGAGAAATGTTCACAATG 610
Db      1405 ---CACAATCCAGCTTATGTTTCAATTAATTTTAAATGTTCATTCACAGCTGTAAACT 1461
Qy      611 ATTATATTCAGAAATATCTGTTCCTTCAACTTGAATTAATAAGCTATTAATTAATTA 670
Db      1462 CTGTCTCTCTATATCTAGATTTGC-----GATTACTATTAACATAGTATTTATCTA 1515
Qy      671 TTTATGCGCAAGTGTAAATTTTCAATTAATTAATTAATTAACAAGGTGCTGAATTTGGCTG 730

```

QY	1810	ACTCTTAATTTACACAACTCTTATTACATTAGACTTGGATACGCTATCAAAATGTCCTGGA	1865S
Db	2625	CACCTCAAAATTTTCAACAAATCGTAATTTTATAGAAATGGTAAAGCGCA	2684
QY	1870	AATACCTCTTCTAATATATCTCTTACAAATACCGAGATAGGAATACCACTCAACGA	1923S
Db	2685	AATACTGAGCTGTTATTAATCTTATAGTAATCCAGGG---TACGAGAACTGGGTATGGCA	2744
QY	1930	CTCAACAAACACTTTTTCCTGCTACAAATTTATATATTTTACAAATACGAGATTTGGGTAT	1989S
Db	2742	CTCAACCCCACTTTTCTGGTACAGATTAATACGAATTTAAATATTAAGATTTTCAGTAC	2801
QY	1990	TTCCAAATTTCCAAGTACAGTACACTTACCTTAAATGGAACATACCACTTTATATTAT	2049S
Db	2802	TTAGAAATTTTCTAACGAGGTGAAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTCTGTGTTTAT	2861
QY	2050	CGTCGAGATGTAT---CAATTTCAATTTTAATCATTTGATTAATTTGAATTTATACAAAT	2106S
Db	2862	CGTTCCGATGTATATACAAACACACAGTACTTATTTGATTAATTTGAATTTCTGCGCAAT	2921
QY	2107	ACTTCCTCTGTACGCCAAATATAGAGAAACAAAAATTTAGAACTATTCAAACAAAAATA	2166S
Db	2922	ACTGCTCTATATAGAGAGATAGAGAGAAACAAAAATTTAGAAACAGTACCAATATAT	2981
QY	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATTCCTTAATAATAGAGGCCAACAATATAT	2226S
Db	2982	AATACATTTTATAGCAAAATCTTATAAAAACACTTACATCAGAACTTACAGATTAATAC	3041
QY	2227	ATTGATTAA 2235	
Db	3042	ATAGATCAA 3050	
RESULT 5			
AAN93059			
ID	AAN93059	standard; DNA; 4571 BP.	
AC	AAN93059;		
XX			
DT	27-AUG-2003	(revised)	
DT	25-MAR-2003	(revised)	
DT	30-MAY-1990	(first entry)	
XX			
DE	Delta-endotoxin crystal protein gene.		
XX			
KW	Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; pCH130; ss;		
KW	biological control agent.		
XX			
OS	Bacillus thuringiensis; israelensis.		
XX			
FN	Key	Location/Qualifiers	
FT	RBS	879..884	
FT		/*tag= b	
FT		/label= Shine-Dalgarno sequence.	
FT	misc_feature	891..4430	
FT		/*tag= a	
FT		/product= "delta-endotoxin crystal protein"	
XX			
PN	EP296870-A.		
XX			
PD	28-DEC-1988.		
XX			
PF	24-JUN-1988;	88EP-00305772.	
XX			
PR	26-JUN-1987;	87US-00067653.	
XX			
PA	(DUPO ) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.		
XX			
PI	Ellar DJ, Ward ES;		
XX			
WI	WPI; 1989-001322/01.		
DR	P-PSDB; AAP93715.		









```

QY 1031 GAGAAATTTATACACGAAATTAATTTGACCGCTCTTACTTACCTTGAATTCACCCA 1090
DB 2351 GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACTTCGAAAGAACCCCTTAAATATATAGAC 2403
QY 1091 ATCTCGCTAATATGGAATATATATTTAACAGCTTCAGGGCTTAGTATATTTTCATTTTAG 1150
DB 2404 TTTCAATATACAGAGGATTCCTTACAGTACCGACGATTTATATTTACTTGGCTTGAATTC 2463
QY 1151 ATGAATCTTATTTTATACAAAAATGAAAGTACGGGAATCGTTAGTTGTAATGGA 1210
DB 2464 TTGGAATTTTATGAAAAAGGCAACCTCTCTAATATTTTTCACACGACATTAAT 2523
QY 1211 ATCGTAATAGTCTACTT-ATGCTACGACAGAACTGAATTAATATGAGAAAGACA 1269
DB 2524 ATGTTTCAATACACACTTGATATATATCCAAAAATCTAGTGTTTTGGAAATCACAA 2583
QY 1270 GGTCCACCCACACAAAACTTTAATACATTTGAAATCTTAATAAGTTTCAATTTACT 1329
DB 2584 GTAACTGATAAATTAAATCTCTGTTTGGCAAAATATTTATTTTATTTAAT 2643
QY 1330 GATAGACAAGTACTCCACTTCCCTTTCTTAACTATCTTACAAATTAATCAAT 1389
DB 2644 GTCTAAGCTTAGTATATATATCTAATATATATATATATATATATATATATATATAT 2703
QY 1390 GAACCTTATTTAATTAATTCACCTAGTAATAATAATTAATTCAGCTGGGGGGAATTTA 1449
DB 2704 TTTATTAATAATGGTACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGACAGATCTGGCAATA 2763
QY 1450 TCTTAATATATAAAAAACACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAAAAGACTGTAACCA 1509
DB 2764 ACTTATATATGTAATAAATAATTTTGGGGTTACCAATCTTAAACGAAAGAAATCA 2823
QY 1510 ATTAATCCAAATTTGTTACCAAGCTATATATAGTATATATTTATCCAGTTTCT 1569
DB 2824 GGAACCTTACCTTTTCCAACTATGATATATCTATCTATATTTATTTATTA 2883
QY 1570 TTATTTATTTATTCCTTAATAAATTTGATTAACGCTTAATATATATATATATATAT 1629
DB 2884 AGTCTTATATCC-----TGCAATATTAATACTCAAGTATATACGTT 2928
QY 1630 GGATGACACACATATGTTTATATGAAATATATGCAATATATGATTAATAATTTCAATG 1689
DB 2929 GCTTGACACACTCTAGTGTGATCTTAATAATCAATTTTATACATTTTATACCCAA 2988
QY 1690 ATCCAGCAATCAAAAGGTAAACGCTTGATCAAACTCTAAGTAAATGAGACCTGGT 1749
DB 2989 ATTCAGCTGTAAGGAAATTCCTGGGACCTGCTTAAAGTTTTCAGAGACCTGGT 3048
QY 1750 CATACAGAGGAACTTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGCTTATGAGATTAATGATA 1809
DB 3049 CATACAGAGGGAATTTATGATTTCAAGATCA-----TTTCAAAATTAACATGCA 3102
QY 1810 ACTCTTAATTTTACCAATCTTATATCACTTGAATCGCTACCAATGCTGCTGGA 1869
DB 3103 CACTCAATTTTCAACATCTGATTTTATTAAGATTCCTTATGCTTCAAAAGGAAAGGCA 3162
QY 1870 AATATCTCTCTTAATATATCTCTTACCAATACAGAGTATATAGAAATCCACTCAAGCA 1929
DB 3163 AATATCTGAGCTGTTATTAATCTTAGTATCCAGAGG---TAGCAAGCTGGGTAATGCA 3219
QY 1930 CTCAACAACTTTTCTGATCAAAATTAATATATTTTACAAATCGAGATTTTGGGTAT 1989
DB 3220 CTCAACCCCACTTTTCTGGTACAGATATACGAATTTAAATTAAGATTTTCAAGTAC 3279
QY 1990 TTCCAAATTTTCAAGTACGTAACATTAACCTTAAATGAAACATACCAATTTATTTAT 2049
DB 3280 TTGAATTTTCTTAAAGAGTAAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTCTTGTATAT 3339
QY 2050 CGTGCAGATGTAT---CAATTTCAATTTTATCAATGTAATAATGATTTATATCAAT 2106
DB 3340 CGTTGGATGTATATCAAAACACACAGTACTTATTTGATTAATTTGAATTTCTGCAAT 3399

```

```

QY 2107 ACTTCCTGCTGACCGCAAAATAGAGAAAACAAAAATTGAAAATCTATCCAAACAAAATA 2166
DB 3400 ACTCGTTCTATTAAGAGAGATAGAGAAAACAAAAATTGAAAACAGTACAACAATTAAT 3459
QY 2167 AATACATTTTTCACAAATCTATCAAAAAATATCTTAAATATATAGACCAACAACTGAT 2226
DB 3460 AATACATTTTATGCAAAATCTATTAATAAACATTTTCAATCAGATTAATATAGAC 3519
QY 2227 ATTGAATTA 2235
DB 3520 ATAGATCA 3528

RESULT 7
AAQ14669
ID AAQ14669 standard; DNA; 3543 BP.
XX
AC AAQ14669;
XX
DT 27-AUG-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 04-FEB-1992 (first entry)
XX
DE Dipteran active toxin gene.
XX
KW Insecticide; B.t.; crystal; delta endotoxin; cryIIA; sv.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
XX
FH Key location/Qualifiers
FT CDS 1..3543
FT /*tag= a
XX
PN BP457498-A.
XX
PD 21-NOV-1991.
XX
PE 09-MAY-1991; 91EP-00304180.
XX
PR 15-MAY-1990; 90US-00524255.
PR 01-OCT-1990; 90US-00590903.
XX
XX (MYCO) MYCOGEN CORP.
XX
PI Sick AJ;
XX
DR WPI: 1991-341902/47.
DR P-PSDB; AAR14373.
XX
PT Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and
PT transformed microbes used to control insects in various environments.
XX
PS Claim 1; Page 10; 20pp: English.
XX
XX The sequence was obtd. from plasmid pMYC1625 which was isolated from a
XX genomic library prepd. from DNA from B.t. P871M3 [from B.t. P871M3-69
XX (NRRL B-18515)]. It is related to the cryIIA family of genes, the 140 kD
XX endotoxin gene and the type II gene from B.t. var. israelensis. The gene
XX encodes a 130 kD protein. Microorganisms transformed with the DNA may be
XX administered to dipteran insects or their environments, the expressed
XX toxin acting as an insecticide. See also AAQ14670-014672. (Updated on 25
XX CC field.)
XX CC -MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS
XX field.)
SQ Sequence 3543 BP; 1278 A; 567 C; 612 G; 1086 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 17.1%; Score 381.4; DB 2; Length 3543;
Best Local Similarity 52.8%; Pred. No. 5.6e-54;
Matches 1176; Conservative 0; Mismatches 971; Indels 82; Gaps 13;
QY 12 TAATATATATGATATAGATTTATCGATTCGAAGATTTATCTTATCTTACGAGAA 71
DB 9 TTATCAAAATTAATAAGATATGAAACATTAATGCTTCAAAAAAATTAATATATATC 68

```

Qy	72	TATGATCACTCTGATACCCCTTACCAAAATTAATCCAATCAACCACTTACAAAACAA	131
Db	69	TAATATTTATTAACAAGATATCCAAATGAAAATATGTCAAAACATTTATTCACAAATGACAA	128
Qy	132	TTACAAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGAAATCACAATATGTGTAAATTTTCAGAC	191
Db	129	TTATTAAGAATTTGGCTCAATATGTGTCAACAGAAATCAGCAGATATGTGTGAATTTTGAAC	188
Qy	192	ATTTCGTAGTGTCTGATCAAAATTCGTGCAAGTTAGTCAAGTACTATTTGTATCCGTACTCT	251
Db	189	TTTTATTTATGAT-----AGTGGTGAACCTCAGTGCCTATCTAATTTGTATGTTGGACCGT	239
Qy	252	GTTAGCCGATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGGAACCGATAGGAATATATAGGTGCAT	311
Db	240	ACTGACTGT-----TTCCGGTTCACAAACCCCTTAGACTTGC	278
Qy	312	AATAATATCTTTTGGTACCTTATATCACTGTCTTTTGGCCCGGGGAGAACAGACAAAC	371
Db	279	TTTTATATAGTTTGGTATCAATTAATACAGTTCTTTTCCAGCCCAAGCAATCTTAAAC	338
Qy	372	AGTATGACACAAATTTATTAATAAGGAGAAATTTTGTGTATACCGTTAACG- GAA	430
Db	339	---ATGGGTGACTTTATTAACCAAACTTAAAAATTTATTAAAAAAGAAATGACTTCAAC	395
Qy	431	GCATTAACACAGCTAAAGTTACAAACTTTAGAGATTTTACAAATATTTACAAAGCTATA	490
Db	396	ATATATATAGTATGTCTATTAATAATTTTAAACAGTGTCTTATATGTTATCAGACTTATCA	455
Qy	491	ATACAGACTTATGATGATTTGGAGAAAATTTAAAAAGACTAACAGCTCTGTGATTAACAAGT	550
Db	456	TAACTACCTTAAACATGGGAGAAATTAATCCAAACCCACAAAATATCTCAGATGTAAAGA-	514
Qy	551	CATCAGCACTTACCAACAGCTGCTTGACTCTTAAATAATGCAATTTGAGATGTTCACAAATG	610
Db	515	---CACAAATCCAGTATGTTCAATACCAATTTTCAAAATGTCAATTCAGAGCTTTGAAACT	571
Qy	611	ATTTTATTTGAGAAATATCCTGTTTCCAACTTGAAACTTATTAACCGCTATTTACTACTTA	670
Db	572	CTTGTCCCTCAATCTCTAGTATGTC-----GATTACTATTAATCACTATGATATATCTGA	625
Qy	671	TTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCACTTTAAATTTATTAACAAGTGTCTGAATTTGGCTG	730
Db	626	GTTATGACCAAGCAGCAAACTTACATGTGACTGTATTAATCAACCGCTCAAAATTTGAAG	685
Qy	731	ATGATATGAAATGCAATATATACATCTTCACAAAATGAACTATAGCTGGAACATCAGATG	790
Db	686	CGTATTTAAAAACAATGACAAATTCGATTTATTTAGAGCTTTTGGC---AACAGAAATG	742
Qy	791	ACTATTTAATCTTTTAAAGAGAAATATATCTAAATATATAGTACTATTTGTGCAATTACT	850
Db	743	ATTTATTAATCCAGTATTTGACTAAAGCTATAGAGATTAACCTAATATTTGTGTAAACACTT	802
Qy	851	ATAGAGAGAGCTAAATAACTTGCAGAACGAACCTAATATAGAGATGAGATTAATTAATAG	910
Db	803	ATAAAAAGGATTAATTTAATTTAAATTAAGACGCCCTGATATGATTTTGATGAAATATATA	862
Qy	911	ATTAATCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTAATAGATAGTATGCTCAATTTTCTTTTATG	970
Db	863	ACTGGAACACATTAACATACGTATCGAACAAAATAGATACAGTCTGTATTAAGATCTTGTG	922
Qy	971	ATATTAAGAGATCAAAATTTCAATAGAGAAATAGTGGCACTTAAAACTGAACCTTACAA	1033
Db	923	CACCTTTTCTTAATATATATGATGTGAATATATCAATATGATGTCCAAATCTGAACCTTACTC	982
Qy	1031	GAGAAATTTATACAACTGAAATTAATTTTGAACCGTCTTACTTACCTTGAAATTTCAACCA	1090
Db	983	GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACCTTGAAGAAAGCCCTATTAATATATATATGAC	1033
Qy	1091	ATCTCGCTAATATGGAATATATATTTAAACAGCTTCAAGGGCTTATGATTAATTTTCATTTTATG	1150
Db	1036	TTTCAATATCAAGAGATTTCACTTACAGGTAAACCGCAATTAATTTTACTATGCTGTCAATCT	1095

QY	1151	ATGAACCTAATATTTTATATACAAAATAATGAAACGTACGGGAATCGTTTAGTGTATGTGCA	1210
DB	1096	TTGAATTTTATAGAAAGCGCAACTCTCTATATAATTTTTCACCAAGCCATTATAT	1155
QY	1211	ATCGTAATAGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAACGAACTGAATATATATGAGAAAGACA	1266
DB	1156	ATGTTTCATTACACACTTGATTAATATATCCAAAATCTAGTGTTTTGGAAATCACAT	1215
QY	1270	GGTCCACCCACACAAATACTTATATACATTGAATCTATTAAGTTCAATTGTACT	1329
DB	1216	GTAACGTATTAATTAATAATCTCTGTGTGGCACAAAATTTTATTTTATTTTAAAT	1275
QY	1330	GATGACAGAACTCTCACTTCCCTTTTCTTAACATATACCTTACATTAACAAAT	1389
DB	1276	GTCATTAAGCTTAGTAATAAATATCTAAAGATTATATATATAGTAAATGCAATTT	1335
QY	1390	GAACCTTAATTTAATAATATCCAGTAATTAATTAATATATCAGCTGGGGGAATTTA	1449
DB	1336	TTTATTAATAATGTTACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGAGATCTGGGCAATA	1395
QY	1450	TCTAATGATAAAAAACAATGATTTTCAATTCCTGTAAAAAAGACTGTAAACAATT	1509
DB	1396	ACTTATGATGTAATTAATAAATATTTTGGGTACCAATCTTAACCAAGAGATATCA	1455
QY	1510	ATTATATCAATGTTTATACCAAGTATATATGTATGTCAATTTTATCCAGTTTCT	1568
DB	1456	GCAATCCCTACCCCTTTTCCAAACATATGATTAACATATGTCTATTTTATCTTTATTA	1515
QY	1570	TTATTTAATTAATTCCTAATAAATTTGATTAAGCGTAAATATATATATATACAGTCA	1629
DB	1516	AGCTTAGTATCC-----TGCAACATATTAATACTCAAGTATATCGTT	1560
QY	1630	GGATGACACACAGTAAGTATTAATAGAAATATATCAATATCAGATTAATAATTAATG	1688
DB	1561	GCTTGGACACCTTATGTTGATTCCTAAAAATCAATTTATACAACTTAACTACCCAA	1620
QY	1690	ATCCGACATCAAAAGGTACAGCTCTGTATACAACTCTAAAGTAATTGAAGACCTGCT	1749
DB	1621	ATTCCACTGTAAAGGGAATTCAGCTGGGACTCTTAAAGTGTCTCAAGACCTGCT	1680
QY	1750	CATACAGAGAACTTGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGCTTATAGATTAATCATATGTA	1808
DB	1681	CATACAGAGGGGATTTAATATGATTTCAAGATCA-----TTTCAAAATTAACATGCA	1734
QY	1810	ACTCTTAATTTACACAATCTTATTTACATTTGACTTGCATACCAATATGATGCTGCA	1868
DB	1735	CACCTCAATTTTCAACATCTGATTTTATTAAGATTCGTATGCTTCAAAATGGAAGCGCA	1799
QY	1870	AATACTCTCTCTAATATATCTCTTACAAATACAGAGATATATGAATATCACTCAACGA	1929
DB	1795	AATACACAGAGCTGTATTAATCTTAGATCCCAAGGG--TAGACAACTGGGTATGCA	1851
QY	1930	CTCAACAACATTTTCTGTGTACAAATTTATTAATTTTACAAATACGAGATTTTGGGAT	1989
DB	1852	CTCAACCCCACTTTTCTGTGTACGATTTATCGAATTTAAATATTAAGATTTTCAAGAC	1911
QY	1990	TTCAATTTTCAAGTACGTAACATTAACCTTAAATGCAACATACCACTTATATTTAT	2049
DB	1912	TTAGAAATTTTCAACGAGTGAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTCTGTGTTTAT	1971
QY	2050	CGTCCAGATGAT--CAATTCATTTTATATCATTTGATTAATAATTTGAATTTATACAA	2106
DB	1972	CGTTCCGATGTATATACAAACACAAACGATCTTATTTGATTAATTTGAATTTCTGCCAAT	2031
QY	2107	ACTTCCCTGTAGGCCCAATATAGGAAAAACAAATAATTAAGAACTATTCCAACAAAA	2166
DB	2032	ACTGTTCTAATAAGAGATGAGAGAAACAAAAATTTGAAACAGTACCAACAATATTT	2091
QY	2167	AATACATTTTCAAAATCATACAAAAATCTTTAATATATGAAAGCCAAACATATGAT	2226
DB	2092	AATACATTTTATGCAATCTATTAATAAACCTTTACATAGAACTTACAGATTTATGAC	2151
QY	2227	ATTGATTTAA 2235	



Qy	1390	GAACCTTATTTAAATNAAATTCACCTAGTAATTAATTAACAATATTCAGCTGGGGGAATTTA	14439
Db	1336	TTTAATACCTAATGGACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGCAGGATCTGGGCAATA	1395
Qy	1450	TCATATGATATAAAAAACAACATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACAATT	1509
Db	1396	ACTTATGATGTAAATTAATAATATTTTCGGGTACCAATTTCTTAAACCAAGAGAAATCA	14555
Qy	1510	ATTAATCCAAATGTGTTACCAAGCTATATAGTATATAGTCATATTTATATCCAGTTTCT	1569
Db	1456	GCAATCCCTACCCCTTTTCCAAACATATGATATACATAGTCATATTTATCATTTATTTAA	1515
Qy	1570	TTATTTAATTAATTCCTATAAAAATGGATTAGTCGGCTAAATATATATATATACAGGTGCA	1629
Db	1516	AGCTTTATATATCC-----TCCACATATTAACATCCAGTGTATACGTTT	1560
Qy	1630	GGATGGACACACAGTATGTATTAATGAATATATGAATATGCAATATCAGATTAATATACATG	1689
Db	1561	GCTTGGACACACTAGTGTGTATCTTAAAAATACATTTATACATTTTAACTTACCCAA	1620
Qy	1690	ATCCACAGCAATCAAAAGGTATACAGTCTTGATACAACTGAAGTATTTGAAGACCTGGT	1749
Db	1621	ATTCAGGTATTAAGCAATTCACCTTGGACCTGTTCTTAAGTTGTTCAAGACCTGGT	1680
Qy	1750	CATACAGAGGAACTTGTTTATTATCAAAAGTCAAGGGCGTTTAGATTAACATGTAGA	1809
Db	1681	CATACAGAGGGGATTATTAATGATTTCAAAATCA-----TTTCAAAATATACATGTCAA	1734
Qy	1810	ACTCCTAATTCACACAACTTATTTACATTGACCTTGCATACGTTACAAATATGGTCTGGA	1865
Db	1735	CACCTAAATTTTCAACATCGATTTTATTAAGAAATCGTATGCTTCAATATGGAAGCGCA	1794
Qy	1870	AATACCTCTTCCAAATATATCTCTTAACAATAACAGAGATATAGGAATACCACTCAACGA	1929
Db	1795	AATACAGACGCTGTATTAATCTTATGATATCCAGGG---TAGCAAACTGGGATGCA	1851
Qy	1930	CTCAACAACTTTTCTGTGTACAATTTATATATTAATTTACATACGAGATTTTGGGTAT	1989
Db	1852	CTCAACCCCACTTTTCTGTATACAGATTATACGAATTTAAATATTAAGATTTTCAGTAC	1911
Qy	1990	TTCCAAATTTCCAAGTACGTAACTTACCTTTAAATGAAACATACATTAATATTTAT	2049
Db	1912	TTAGAAATTTCTAACGAGGTGAATTTCTCCAAATCAAAACATATCTCTGTGTTAT	1971
Qy	2050	CGTGCAGATGTAT---CAAAATCAATTTTAATCATATGTAATAATGAATTTATATCAATT	2106
Db	1972	CGTTGGATGTATATACAAACACAAACAGTACTTATGTATTAATTAATGAATTTCTGCAATT	2031
Qy	2107	ACTTCCTCTGTACGCCAAATAGAGAAAAACAATAATAGAAACTATCCAAACAAATA	2165
Db	2032	ACTGCTTCTATATAGAGAGGATAGAGAGAAACAAAATATAGAAACAGTACAAACAATATT	2091
Qy	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATACTTTAAATATAGAAACCAAACTATGAT	2228
Db	2092	AATACATTTTATGCAAAATCTATAAAAAAACCTTTACATCAGAACTTACAGATTATGAC	2151
Qy	2227	ATGTATTA 2235	
Db	2152	ATGATCA 2160	

RESULT 9  
AAQ14670  
ID AAQ14670 standard; DNA; 2061 BP.

AC	AAQ14670;	
XX		
DT	27-AUG-2003	(revised)
DT	25-MAR-2003	(revised)
DT	04-FEB-1992	(first entry)
XX		
DE	Dipteran active toxin gene.	
XX		

KW	Insecticide; B.t.; crystal; delta endotoxin; cryIIC; ss.
XX	
OS	Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
XX	
FH	Key Location/Qualifiers
FT	CDS 1..2028
TT	/*tag= a
PN	EP457498-A.
PD	21-NOV-1991.
XX	
PF	09-MAY-1991; 91EP-00304180.
XX	
PR	15-MAY-1990; 90US-00524255.
PR	01-OCT-1990; 90US-00590903.
XX	
PA	(MYCO ) MYCOGEN CORP.
PI	Sick AJ;
DR	WPI; 1991-341902/47.
DR	P-PsDB; AAR14374.
XX	
PT	Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and transformed microbes used to control insects in various environments.
PS	Claim 1; Page 15; 20pp; English.
XX	
CC	The sequence was obt'd. from plasmid pMYC1636 which was isolated from a genomic library prep'd. from DNA from B.t. PS71M3 [from B.t. PS71M3-69 (NRRL B-18515)]. It is related to the cryIIC from B.t. var. israelensis.
CC	The gene encodes a 77 kD protein. Microorganisms transformed with the DNA may be administered to dipteran insects or their environments, the expressed toxins acting as an insecticide. See also AAQ14665-Q14672.
CC	(Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX	
SQ	Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;
Query Match	9.9%; Score 221; DB 2; Length 2061;
Best Local Similarity	49.4%; Pred. No. 1.9e-27;
Matches 1090; Conservative	0; Mismatches 942; Indels 174; Gaps 13;
OY	14 ATAAATGATGATTGAGTTCATGCATCAAGAATTATCTTATCCTTCAAAGATAA 73
Db	11 ATCAAAATTAAGATGAATATGAATATTCATGCTCCATCAATGGTTTGCAAGTCTA 70
OY	74 TTGATCATTTAGATACCCCTTACAACAATATCCAATCAACCATTAACAAAACAAT 133
Db	71 ATAATCATTTAGATATTCATTAGCAAAATAGCAAAATCAACGACTGAAAAACGAA 130
OY	134 ACAAGAGTGCTCAATATGTGTCAAGGAATACACAAATATGTGATTAATTGAGACAT 193
Db	131 ACAAGATTTGGCTCAATGTGTGTCAAGATATCAACAATATGCAATPATCGGGGAAT 190
OY	194 TTGCTAGTCGATACAAATTTGCTGCAAGTATGAGAGATCAATTTGCCGTCTCTGT 253
Db	191 TTGTTAGTTCGAAACATATTTGTGAGTATGTGACGAGATTAATTTAGTAGAACTATGT 250
OY	254 TAGCCGATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGGAATATAGTGTCTATA 313
Db	251 TAGGAGCTTTGTGCTGCC-----CGTCTTAGCTGAGSTA 286
OY	314 TAATATCTTTTGGTACCCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGAGAACAAACACAG 373
Db	287 TAATATCTTTTGGGACTTTGTGTGCCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCCCTG---CAATG 343
OY	374 TATGACACAAATTAATTAATTTGGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAAGCA 433
Db	344 TTGGCGAGAAATTTGTTAACATCGAGAGAGCGCTTATACAGAAATATGATTAACAACTATA 403
OY	434 TAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGGATTTAGCAAAATATTAACAAAGCTATATA 493

Db		404	TTAATGTACTAACTT-----CTAATCGTAACACCTATATAAAATCAACTTGATATAATATC	457
Qy		494	CAGCAATTAGATGATTTGGAAAAATTAAAAAGATCAAAAGCTCTGGATTACCAACATCAT	553
Db		458	AAGAAATTTTTCGATAAATATGGAGCGACAGCTACACAGCTAATGCTAAACAGATGA-CAT	516
Qy		554	CAGCAATTACAACAAGCTGCCCTTGACTCTTTAAATATACGATTTGGAGATGTTTCAACAATGAT	613
Db		517	GATCTCTTACTACCTTAGAAACCTATATATATAGATTAAGATTAATGATGTATAAAA-----	571
Qy		614	TTATTCGAAATATACCTGGTTCCAACTCTGAAACTTATATAACGCTATTAACCTACTATTT	673
Db		572	-----ATAATGCTAGTATCGAATACCAACATCTCCCTGAT	607
Qy		674	ATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATATCAACAAGATGCTGAATTTGGCTGATG	733
Db		608	ATGCACAAATAGTACTCTGGACCTGATTTATTATTAACAATGCTGCTACTATTATTAACAATA	667
Qy		734	AATGGAATGCAATATATACATCTCTTCAACAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAATGACT	793
Db		668	TATGGCTGCAAAATTCAAAGTATATAATTCAAAGATCTTGCAAT-----TCATCTAATTAATC	721
Qy		794	ATTATTAACCTTTTAAAAAGAAATATATACCTTAATATAGTATACCTATGTGCAATATCTATA	853
Db		722	ATCAGGGCTATTTTAAACGTAATAATTCAGAAATATACGATCTATTTGTATCAAAAGTACA	781
Qy		854	GAGAAGACATAATTAACCTTGAAAAGAACTTAATATAGATGAGATATATTTAATGATTT	913
Db		782	ATGCAGAGCTAATCATATGATATAGAACTAATATCTAACGCAACATGGAATATGATATAATCTT	841
Qy		914	ATCGAAGATATATGACTATTTACTGTATTTAGATACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATA	973
Db		842	ACCGTTTGAATGACTCTAACTGTGTAGATCTTAATGTCTAATTTTCCAAATTAATGACC	901
Qy		974	TAAAGAGTACAAAGATTCAAATAGGAAGAATATGCGGACTTAAAACTGAACCTTCAAGAG	1033
Db		902	CAGAAAAATA-----TCCAAATAGGAGTTAATCTGAACCTTCAACAG	943
Qy		1034	AAATTTATACAACTGAATTAATTTTGAACCGTCTTACCTTGAACCTTGAATTAACCCATTC	1093
Db		944	AAGTTTATAGCAATGTTTAATTCAGATACATTTAGAACCAATAACAGAACTAGAA-----	996
Qy		1094	TCGCTATATAGCAATATATTAATTTAACACGTTCAAGGCTTAGATATTTTCATTTTATGATG	1153
Db		997	-----AATGATTTAACTAGAAATCTCAATTAATTTTACTTGATTAAC	1039
Qy		1154	AACCTATATTTTATACAAAATAATGAAAGATACGGGAATCGTTTATGTTGATTTGGCAATC	1213
Db		1040	AAGGGCGTTTATACAAAGAAATTCGAGACATTTCTTGATCTTATATATTTTTCCTT	1099
Qy		1214	GTAATAGATCTACTATGCTACGACAGAGAACTGAATATATATATGAGAAAGAACAGGTC	1273
Db		1100	TTACAGGTAAACCAAGATGCGCTTTACACATCTTAATGATATCGCAACATTAATCTGGGAG	1155
Qy		1274	CACCACAACAAAAACCTTAAATACCAATTGGAATCCTATTAAGTTTCAATTGTAATGATA	1333
Db		1160	CGGTTTCATGACATATTTATTTCTCAAGACAATCCAAAGTATTTCTTTTATAGAAACA	1219
Qy		1334	GACAAATTAATCTTACTTCCCTTTTCTTAACATATACTTTTACATTTAATCAAAATGAAAC	1399
Db		1220	AACCTATTTGAATAGGTGCAAAATGTGCAGACATAGAGATCTACAGATTAATATATGAAA	1279
Qy		1394	TTTATTTTAAATTAATTCACCTGTAATTAATAATTAACATTTACGCTGGGGGAATTTATCTA	1455
Db		1280	TGATATTTTTTTTCGAATAGCAGTGAAGTATTTTCGATTTATCTCAATTTCAACAAATAGAAA	1339
Qy		1454	ATGATTAATAAAAAACAAGTATTTTTCATTTTCTGTATAAAAAAGACTGTAAACCAATATATTA	1513
Db		1340	ATAATTAATAAAGAACTGATTTCTTAATATGATTTCCAAAACAAACATGAAAATATAAGAT	1399
Qy		1514	ATCCAAATGTTTATCCAAAGCTATATAATAGTATATAGTCAATATTTTATCCCAAGTTTCTTAT	1573

Db	1400	ATGCTACTACTCATGCTATATATAAAAAACGTATATATATATATTC-----	1445
Qy	1574	TTAATTAATTCCTATATAAATTTGGATTAGCGCTAAATATATATATATACAGGTGCAATAGAT	1633
Db	1446	-----AGTAGTTAGAGAAAGAAAGAGTTGGCTATTAAGTT	1480
Qy	1634	GGACACACAGTAGTGTTAATAGAAATATATGCAATATACAGTAAATTAATTAATACATGATCC	1693
Db	1481	GGACACACTACTAGTGGTATGATTTCCAAAATACAAATAGATTTAGATTAATCATCAACCAATCC	1540
Qy	1694	CAGCAATCAAAAGGTAAACAGTCTTGATATCAAACTCTAAGTAAATTTGAAGCACTGGTCATA	1753
Db	1541	ACGCTCTAAAAGCTTTGAAGGTAAAGTTCTGATATGGAAAAATTTGGAAAGGTCTGGTCA	1600
Qy	1754	CAGAGGAAACTGGTGTATTTATCAAAAGTCAAGGGCGCTTTAGAGATTAATGTGAAATC	1813
Db	1601	CAGGTGAGAGCTGGTGAATCTTAAAGATGTATGATTTTAAAGTAAAGTATTTTAAAAA	1660
Qy	1814	CTAATCTTACACATCTTATTAATGACTTGAATCTTGATACGCTACAAATGGCTGGAAATA	1873
Db	1661	ATGTTTCTGCAAA--TATCAAGTACGATTTGGTATGCTACTTAATGCTCCAAAGCAA	1717
Qy	1874	CTCTTCTTAATATATCTTTACACATACAGAGGTAAATAGAAATCCACTCAACGACTCA	1933
Db	1718	CAGTA--TTCTTAAACGGATTAAGTACTATAAAGTGGAGCTCCCTAGTACACTTCCG	1775
Qy	1934	ACAACTATTTTCTGGTACAAATTAATTAATTTTACAAATCGAGATTTGGGTATTTCC	1993
Db	1776	CCAAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTTAAATACATATGACAGATTTTGGATATGTAA	1825
Qy	1994	AATTTCCAAAGTACAGT-----ACATTTACCTTTAAATCGAAACATACCATTTATAT	2044
Db	1826	CATTTCCAAAGACAGTTCCAAATTAACATTTGAAGAGAAAGACATTTTATATATGACCT	1885
Qy	2045	TTAATCGTGAGAGATGATCAAAATTTCAATTTTAAATCAATGTGATAAATTTGAATTATACAA	2104
Db	1886	TATATGATACCACAATCATTCATATATATATATATATTTGCAAAATTTGAAATTTATTCAA	1945
Qy	2105	TTACTTCCTCTGTACGCCCAAAATATGAGAAAAACAATAATTAGAACTATCCAAACAAAAA	2164
Db	1946	TCATCTCAATCTGATTTAGATTATATACGAGAAAGCAAAATATATGAAAAACAAGAAAAATAG	2005
Qy	2165	TTAATCAATTTTTCACAAATCATACAAAAAATACCTTAAATATATGAA 2210	
Db	2006	TGATATGATTAATTTGTATTAATTAACAAAGTTCTTACTAAATATAGA 2051	
RESULT 10			
AAQ81180			
ID	AAQ81180	standard; DNA; 2061 BP.	
XX	AAQ81180;		
AC			
XX			
DT	25-MAR-2003	(revised)	
DT	12-AUG-1995	(first entry)	
XX			
XX			
DE	B.t. toxin PS71M3 gene.		
XX			
OS	Bacillus thuringiensis.		
XX			
PN	W05502694-A2.		
XX			
PD	26-JAN-1995.		
XX			
PF	13-JUL-1994;	94WO-US007902.	
XX			
RR	15-JUL-1993;	93US-00093199.	
XX			
PA	(MYCO ) MYCOGEN CORP.		





Db	1661	ATGTTTTCGACAA---TATCAAGTACGATATTCGTTATGCTACTATAGCTCCAAAGACAA	1717
Oy	1874	CTCTTCTTAATATATCTCTTACAATATACAGAGATATAGAAATACACCTCAACGACTCA	1933
Db	1718	CAGTA--TTCTTAACCGGAATATAGTACTATAGTGTGAGCTCCCTAGTACACATTCCCG	1775
Oy	1934	ACAACACTTTTTCGTGTCACAAATTTAATAATTTCATATACGGAGATTTTGGATTTTCC	1993
Db	1776	CCAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTAACATATGCAATTTTGGATATGTAA	1825
Oy	1994	AATTTCCAGTACAGT-----ACATTACTCTTTAAATCGAAACATACATTATAT	2044
Db	1826	CATTTCCAGAAACAGTTCCTCAAAATATAACATTGGAAGGAGAACACTTATTAATGACCT	1885
Oy	2045	TTAATCGTGCAGANGTATCAATTCATTTAATCATTGATTAATTAATTAATACCA	2104
Db	1886	TATATGTATACCAAAATCATTCATATATATATATATATGACAAATTCGATTTATCCAA	1945
Oy	2105	TTACTTCTCTGTATGCGCAAAATATAGAAAAACAAATTTAGAACTATCCAAACAAAA	2164
Db	1946	TCACTCAATCTGATTTAGATTTATACAGAGAAACAAAAATATGAAAAACACAGAAATATG	2005
Oy	2165	TAAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATACTTTAAATATAGA	2210
Db	2006	TGAATGATTTATTTGTTAATTAAACAAAGTCTTACTTAATATAGA	2051
RESULT 11			
AAN50525			
ID	AAN50525 standard; DNA; 3756 BP.		
AC	AAN50525;		
XX			
XX			
DT	24-OCT-2003 (revised)		
DT	25-MAR-2003 (revised)		
DT	23-OCT-1991 (first entry)		
XX			
DE	Bacillus thuringiensis var. israelensis endotoxin insert in plasmid		
DS	pSY367.		
XX			
KW	Endotoxin; insecticide; ss.		
XX			
OS	Bacillus thuringiensis serovar israelensis.		
XX			
PN	EP153166-A.		
PD	28-AUG-1985.		
XX			
PF	15-FEB-1985; 85EP-00301017.		
XX			
PR	22-FEB-1984; 84US-00582506.		
PR	22-JAN-1985; 85US-00693556.		
XX			
RA	(SYTR ) SYNTRO CORP.		
XX			
PI	Walfield AM, Pollock TJ;		
XX			
DR	WPI; 1985-211724/35.		
XX			
PT	Polypeptide active against Diptera insects - prepd. from DNA sequence		
XX			
PS	coding for Bt endotoxin using bacterial host.		
XX			
CC	Disclosure; Page 15a-e; 27pp; English.		
CC	The B. thuringiensis var. israelensis endotoxin insert in pSY367 is		
CC	expressed in a bacterial host. The protein produced has insecticidal		
CC	activity against dipteran insects. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA		
CC	field.) (Updated on 24-OCT-2003 to standardise OS field)		
XX			
XX			
SO	Sequence 3756 BP; 1379 A; 566 C; 659 G; 1150 T; 0 U; 2 Other;		
Query Match			
Best Local Similarity 9.4%; Score 211.2; DB 1; Length 3756;			
49.8%; Pred.No. 7.8e-26;			

Match	1101	Conservative	0	Mismatches	928	Indels	183	Gaps	15
QY	11	ATAATAATAAGAAATATGAGTTATTCGATTCAGAAATTTATCTTATCTTCTTAACGAA	70						
Db	954	AAAATAAGAAATGAAATATGAAATATTCATATGC-----TCAATCAATGGTTTTAGCAAGT	1007						
QY	71	ATATTGATCATTTCTAGATACCCCTTACAGAAATATTCAAATTCAAACCTTACAAACGAA	130						
Db	1008	CTAATAACTATCTTCTAGATATTCATTACCAATATAGCCAAATTCACCACTCAAAAACGGA	1067						
QY	131	ATTCAAAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGGATTAATTTGAGA	190						
Db	1068	ATTCAAAAGATGGCTCAATATGTGTCAAGATATTCAAATATAGGCAATATATGGGGGA	1127						
QY	191	CATTGCTAGTGTGATACAAATGCTCAGTTAGTGACAGTACTATTGTATCCGGTACTC	250						
Db	1128	ATTTTGTGAGTCTGAAACATATGTGTGAGATGTAGTGACAGGATTTATTTGTAGTGAAGT	1187						
QY	251	TGTTAGCCGGTATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATATGAAATATAGTGTCTA	310						
Db	1188	TGTTAGAGGCTTTTGTGCCCC-----CTGTCTTAGCTGCAG	1223						
QY	311	TAATATATATCTTTTGTGACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGGGGGGAACAGACAAA	370						
Db	1224	GTATATATATCTTTTGTGGACTTTGTGGCAATCTTTTGGCAAGATCTGACCCG--CA	1280						
QY	371	CAGTATGACACAAATTTATTTAAATGGAGAAAATTTTGTGTATACACCGTTACAGAAA	430						
Db	1281	ATGTTTGGCAGGATTTGTTAAACATGGAGGAAGCCCTATACAGAAATATGATTAACAA	1340						
QY	431	GCATTAACACGCTAAAGTACAACTTTAGAGGATTTAGCAATATTTACAAAGCTATA	490						
Db	1341	TAAATTAATGTACTAACTT-----CTATCGTAACCTAATAAAAATCAACTTGATTAAT	1394						
QY	491	ATPACGCAATTAGATGTGGAGAAAATTAATAAGACTACAGCTCCCGATTAACACCAT	550						
Db	1395	ATCAAGAAATTTTGCATTAATGGAGCGCAGACGTAACACGCTAAATGCTTAAGCACTA-	1453						
QY	551	CATCAGCAATTACAAACAAGCTGCTTGACTCTTAATAATACAGTTTGGAGATGTTCACATG	610						
Db	1454	CATGATCTCTTACCTTACCTTAAGAACCTATATATAGATAAAGTTTGAATATGTTAAAA--	1511						
QY	611	ATTTTATTCGAAAATACCTGGTTTCCAACCTGAACTTAATAAACGCTATTAATCTACTTA	670						
Db	1512	-----ATAATGCTACTCTATCGAATCCAAACCTCCCTG	1544						
QY	671	TTTATGGCGAAGCTGCTAATTTTCTTAAATTTATATACAAAGGTCGAAATGGCTG	730						
Db	1545	CATATGCAAAATATGCTTACTTGACCTTGAAATTTATTAACAACGTCGTACTACTATTACA	1604						
QY	731	ATGATAGGAATGACGATATACATCCCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGAAACATCAGATG	790						
Db	1605	ATATATGGCTGCAAAATTCAGAGTATTAATTCAGACTCTTCAAT-----TCACTTAATT	1658						
QY	791	ACTATTTAATCTTTTAAAAAGAAATATACCTAATATATATGTAATCTATTTGCAATACT	850						
Db	1659	ACTATACAGGGCTATTTTAAACGTAAATATCAAGAAATATACGACTATTTGATATACAAAGT	1718						
QY	851	ATAGAGAAAGACTAATTAATCTTGAACGGAACCTAATATAGAGATGAGATATTTATATG	910						
Db	1719	ACAATGACGAGCTACTACTATGATTAAGAACTAATATCAACGAAACATGGAATATGATATATA	1778						
QY	911	ATTATCGAAGTATATGACTATTACTGTATTTAGTATCTATGCGCTCAATTTTCTTTATATG	970						
Db	1779	CTTACCGTTTGAATATGCTTAATCTGTATCTGTGAATCTTATTTGCTATTTTCCAAATATATG	1838						
QY	971	ATATTAAGAGATACAAAGATTCATATAGAAAGATATAGTGCATTTAAATCGAACTTACAA	1030						
Db	1839	ACCAGAAAATA-----TCCAAATAGAGGTTAAATCTGAACCTTATCA	1880						
QY	1031	GAGAAATTTATACACCTGAAATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTTGAATTCACCCA	1090						
Db	1881	GAGAAATTTATACCAATGTTAATTTCAATATCAATTTAACAACATTAACGAATCTGAAA----	1936						



```

Qy 1091 ATCTCGTATATATGAAATATATATTTACACGCTTCAGGCTTAGATTATTTTCATTTTACG 1150
Db 1937 -----AATGATTTAATCTAGAAATCTTACATATTTACTTGGATTA 1976
Qy 1151 ATGAATTAATTTTATACAAAAATGAAAGCTACGGAACTGTTAGTTGGTATTCGA 1210
Db 1977 ACCAAGGCGCTTTTACACAGAAATCTCGAGACATTCCTGATCTTATGATATTTT 2036
Qy 1211 ATCGTAATAGATCTTATGCTAGACAGAACTGAAATTTATATGAGAAAGAACAG 1270
Db 2037 CTTTACAGGTAAACGAGATGCGCTTTACACATTAATGATGCAACATTAATCTGGG 2096
Qy 1271 GTCCACCCACAAACAACTTAAATACATTTGAATTCCTAATTAAGTTTCAATGTAATCG 1330
Db 2097 GAGCGGCTTACAGAAATTTTATTTCTCAAGACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAA 2156
Qy 1331 ATAGACAAATATCTCTACTTCCCTTTTCTTACATTAATTTTCAATTAATCAATTTG 1390
Db 2157 ACAAACTATGATGATAGGTGCAAAATGTCAGACATAGAGATCTCAGATTAATATATG 2216
Qy 1391 AACTTATTTAATTAATTCACCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1450
Db 2217 AAATGATATTTTTCGATAGCAGTGAATTCGATATTCATTCATTCATTCATTCATTC 2276
Qy 1451 CTAATGATTAATAAAACAATGATTTCAATTCCTGTAATTAATAAAGACTGTAACCAATTA 1510
Db 2277 AAATTAATTAATAAAGAACTGATTTCTTATATGATTCAAACAAACATGAGAAATGAG 2336
Qy 1511 TTAATCCAAATTTGTTTACCAAGCTAATTAATGATTAATGATTAATTTATCCAGTTTCT 1570
Db 2337 AATATGCTATCTATCTATCGTATTAATAAAGCTGATTAATTAATTTTCTC----- 2385
Qy 1571 TATTTAATTAATTCCTAATAAATGATAGCGCTAATAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1630
Db 2386 -----AGTAGTAGAGAAAGAAAGAGAGTGTGATTTA 2417
Qy 1631 GATGACACACAGTATGTTTAAATAGAAATTAATGCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1690
Db 2418 GTTGACACATATCTATGATTTTCAAAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2477
Qy 1691 TCCAGCAATCAAAAGGTAAAGTCTTGTATACAACTTAAGGTAATTAAGGACCTGGTC 1750
Db 2478 TCCAGCTCTAATAAATTTAAAGTAAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2537
Qy 1751 ATACAGAGAAACTTGTGTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTAATTAATTAAT 1810
Db 2538 ACACAGAGAAACTTGTGTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTAATTAATTAAT 2597
Qy 1811 CTCCTAATTTCAACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1870
Db 2598 AAAATGTTTCTCAACAA--TATCAAGTACGATTCGTTATGCTTATGCTCAAAAGA 2654
Qy 1871 ATACTCTCTAATATCTCTTCAATACCAAGATTAATGAGTAATCAACTCAACGAC 1930
Db 2655 CAACAGT--ATCTTAACCGAATGATATCTTAAGTCTGAGGCTCCCTAGTACACATTC 2712
Qy 1931 TCACACACACTTTTCTGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1990
Db 2713 CCGGCAAAAC-----CCAATGCTACAGATTTAATCAATATGCAAGTTTGGATTTG 2762
Qy 1991 TCCATTTCCAGATACAGT-----AACATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2043
Db 2763 TAACTTTTCAAGAAAGTTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2822
Qy 2044 -----TTTAATCGTCAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2098
Db 2823 ACCTTATTAATGATACCAAAATCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2882
Qy 2099 TACCAATTAATCTCTCTGTGACCCCAAAATAGGAAACAAATTAATTAATTAATTAAT 2158
Db 2883 TTCCATATCACTCAATCTGATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2942

```

```

Qy 2159 CAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2210
Db 2943 AATATGCAATGATTTATTTGTTAATTAATAAACAAGTCTTACATAAATAAG 2994

RESULT 12
AAD43974
ID AAD43974 standard; DNA; 4896 BP.
XX
XX AAD43974;
XX
XX 13-DEC-2002 (first entry)
XX
XX Bacillus thuringiensis ssp. finitimus cry28Aa1 gene.
XX
XX Delta-endotoxin; cry26Aa1; cry28Aa1; insect-resistant plant; toxin;
XX transgenic host cell; insecticide; gene; da.
XX
XX Bacillus thuringiensis.
XX
XX Key Location/Qualifiers
XX CDS 1129..4458
XX FT /*tag= a
XX FT /product= "cry28Aa1 gene"
XX
XX US2002038005-A1.
XX
XX 28-MAR-2002.
XX
XX 08-JAN-2001; 2001US-00756526.
XX
XX 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.
XX
XX (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.
XX (LEWIT/) LEWITIN E I.
XX (ZALUN/) ZALUNIN I A.
XX (REVIT/) REVINA L P.
XX (CHES/) CHESTUKHINA G G.
XX
XX Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;
XX Chestukhina GG;
XX
XX WPI: 2002-403936/43.
XX P-PSDB: AAE26353.
XX
XX Novel isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26Aa1 and
XX cry28Aa1 isolated from Bacillus thuringiensis finitimus, that encodes
XX toxin active against insects, useful for controlling insects.
XX
XX Claim 1; Page 33-37; 42pp; English.
XX
XX The invention relates to isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules,
XX cry26Aa1 and cry28Aa1 isolated from Bacillus thuringiensis finitimus,
XX that encode a toxin that is active against insects. The invention is
XX useful for producing an insect-resistant plant, by introducing the
XX nucleic acid molecule into the plant, where the nucleic acid is
XX expressible in the plant in an effective amount to control an insect. The
XX invention is useful for producing a toxin that is active against insects
XX by obtaining the transgenic host cell and expressing the nucleic acid
XX molecule in the host cell, which results in the toxin that is active
XX against insects. The toxin is useful for controlling an insect by
XX delivering to the insect an effective amount of toxin. The invention is
XX useful for controlling insects. The toxin is useful for inhibiting the
XX ability of insect pest to survive, grow or reproduce, for limiting insect
XX -related damage or loss in crop plants, and to prophylactically treat
XX insect susceptible areas or plants to confer protection or resistance
XX against harmful insects. The present sequence is Bacillus thuringiensis
XX ssp. finitimus cry28Aa1 gene
XX
XX Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;
XX
XX Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;
XX Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1.5e-17;

```

Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

Qy 303 AGGTCTATATATATATCTTTGGTACCTTATGACTGTCTTTTGGCCCGGGAGACA 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTTGGAACTTGCTCCGCTTCTTGGCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACAGTATGGAACAAATTTTAAATGGGAGAAATTTTGTGATACAC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAAATTTGGTCAATTTATGAAACGAGAAACACCTTTTAAATCAAAC 1412
Qy 420 GTTAAAGAAAGCATTAAGACGTAAAGTTTCAAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATTT 479
Db 1413 AATTTCTACGCTGTAAAGAAATGACATTTGCTCATTTAAATGGTTTAAAGATGATTT 1472
Qy 480 ACAAGCTATATATA CAGCATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGAACTCAAGCTCTGCG 539
Db 1473 AAGCTACTATGAAAGAGCATTTTAAATGATTTGAGAGAAATCCAAAGTGAATATCTGCAG 1532
Qy 540 ATTACCAACATCATCAGCATTTACAAACAAGCTGCTTGACTCTTAAATACGATTTGAAA 599
Db 1533 ATTGTATTCACAGA-----GATTTGAAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAATGATTTTATTTGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAATTTAAAGGCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTGAAGCAATATGCCAACCTCCAACTTCCACGTAATGACATTT 1616
Qy 660 ATTACTACTATTTATGCGCAAGCTGCTATTTTCAATTTTAAATTTATACAAACAAGTGC 719
Db 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAAAGCTGCAAAATTTTCAATTTTATGATCAAGAGTGT 1676
Qy 720 TGAATGGCTGATGATGAAATGCAAGATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTCGCGGATCAATGAAATGACATCAACCAATTTCAACAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAGAAATTAACCTAATTAATAGTAACTAATTTG 839
Db 1728 GTCTATCAGCTACTTATTTATGACAGCTATTTGTAATATTTGAAAGTATTAATTTATTTG 1787
Qy 840 TGCACATATCATATAGAGAAGACCTAAATTAACCTTGAACCAACCTATATAGATGGAG 899
Db 1788 CACCAAGCATACCATTAAGAGATTGAATCACCTTAAAGAAATCAAGAAAAATCACATGGGA 1847
Qy 900 TATATTTATATATATGCAAGATATATGACTATTTCTGTATTTAGATTAATCTGCTCAAT 959
Db 1848 TGCCTTAATACACATATCGTCAGAAATGACCTTAATGATTTGATCTTGTGCGCAACTTT 1907
Qy 960 TTTCTTTATGATATA 975
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 13  
ADF31301  
ID ADF31301 standard; DNA; 4896 BP.  
AC ADF31301;  
XX 12-FEB-2004 (first entry)  
DB Bacillus thuringiensis serovar finitimus pf2 DNA clone.  
XX  
XX Cry26Aa1; cry28Aa1; delta-endotoxin; insect pest control;  
XX transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.  
XX  
XX Bacillus thuringiensis serovar finitimus.  
XX  
XX Key Location/Qualifiers  
XX CDS 1129..4458  
XX /tag= a  
XX /product= "Cry28Aa1 delta-endotoxin protein"  
XX  
XX US2003150018-A1.

PD 07-AUG-2003.  
XX  
XX 15-JAN-2003; 2003US-00345020.  
PF  
XX 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.  
PR 08-JAN-2001; 2001US-00756526.  
PR  
XX (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.  
XX (LEMI/) LEWITIN E I.  
XX (ZALU/) ZALUNIN I A.  
XX (REVI/) REVINA L P.  
XX (CHES/) CHESTUKHINA G G.  
XX  
XX Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;  
XX Chestukhina GG;  
XX  
XX WPI: 2003-897623/82.  
DR P-PSDB; ADF31302.  
DR  
XX  
XX New isolated nucleic acid molecule encoding a toxin that is active  
PT against insects useful for controlling insect pests or for conferring  
PT insect resistance in plants.  
PS  
XX Claim 7; SEQ ID NO 3; 42bp; English.  
XX  
XX The present invention relates to the isolation of novel cry26Aa1 and  
XX cry28Aa1 delta-endotoxin genes from *Bacillus thuringiensis* sp.  
XX finitimus. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also  
XX disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and  
XX compositions containing the toxins. The methods and sequences of the  
XX invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to  
XX confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone  
XX that contains the coding sequence for cry28Aa1 delta-endotoxin.  
XX  
XX  
XX Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;  
SQ  
Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;  
Best local similarity 57.0%; Pred. No. 1.5e-17;  
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

Qy 303 AGGTCTATATATATCTTTGGTACCTTATGACTGTCTTTTGGCCCGGGAGACA 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTTGGAACTTGCTCCGCTTCTTGGCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACAGTATGGAACAAATTTTAAATGGGAGAAATTTTGTGATACACC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAAATTTGGTCAATTTATGAAACGAGAAACACCTTTTAAATCAAAC 1412
Qy 420 GTTAAAGAAAGCATTAAGACGTAAAGTTTCAAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATTT 479
Db 1413 AATTTCTACGCTGTAAAGAAATGACATTTAGCTCAATTTGTTTAAAGATGATTT 1472
Qy 480 ACAAGCTATATATAGCACTTAATAGATTTGAGAAATTTAAAGAACTCAAGCTCTGCG 539
Db 1473 AAGCTACTATGAAAGAGCATTTTAAATGATTTGAGAGAAATCCAAAGTGAATATCTGCAG 1532
Qy 540 ATTACCAACATCATCAGCATTTACAAACAAGCTGCTTGACTCTTAAATACGATTTGAAA 599
Db 1533 ATTGTATTCACAGA-----GATTTGAAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAATGATTTTATTTGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAATTTAAAGGCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTGAAGCAATATGCCAACCTCCAACTTCCACGTAATGACATTT 1616
Qy 660 ATTACTACTATTTATGCGCAAGCTGCTATTTTCAATTTTAAATTTATACAAACAAGTGC 719
Db 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAAAGCTGCAAAATTTTCAATTTTATGATCAAGAGTGT 1676
Qy 720 TGAATGGCTGATGATGAAATGCAAGATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTCGCGGATCAATGAAATGACATCAACCAATTTCAACAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAGAAATTAACCTAATTAATAGTAACTAATTTG 839

```

```

Db      1728 GTGATCAGGTAATATATGACGAGCTATGCTATATATGAAAAAGTATATATTTG 1787
Qy      840 TGCATAATACCTATAGAGAAGACCTAATAACTCGAAGCAACCTAATATGAGATGAG 899
Db      1788 CACCAAGACATACCATTAAGAGATTGAATCACTTAAGAAATCAAAAAAATCACATGGGA 1847
Qy      900 TATATTTAATGATATGAGAGATATATGACTATTAAGTATTAAGATCTATCGCTCAATT 959
Db      1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTGATTTGATCTTGTGCAACTTT 1907
Qy      960 TTTCTTTTATGATATA 975
Db      1908 TCCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 14
ADP31306
ID      ADP31306 standard; DNA; 4896 BP.
XX
AC      ADP31306;
XX
DT      12-FEB-2004 (first entry)
XX
DE      Bacillus thuringiensis serovar finlithmus pF2 DNA clone.
XX
KW      Cry26a1; cry28a1; delta-endotoxin; insect pest control;
KM      transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.
XX
OS      Bacillus thuringiensis serovar finlithmus.
XX
FH      Key      Location/Qualifiers
FT      CDS      1129..4458
                /tag= a
                /product= "Cry28a1 delta-endotoxin protein"
XX
PN      US2003154510-A1.
XX
PD      14-AUG-2003.
XX
PF      15-JAN-2003; 2003US-00342821.
XX
PR      07-JAN-2000; 2000US-0175158P.
PR      08-JAN-2001; 2001US-00756526.
XX
PA      (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.
PA      (LEWI/) LEWITIN E I.
PA      (ZALU/) ZALUNIN I A.
PA      (REVI/) REVINA L P.
PA      (CHES/) CHESTUKHINA G G.
XX
PI      Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;
PI      Chestukhina GG;
XX
DR      WPI: 2003-897757/82.
DR      P-PSDB: ADP31307.
XX
PT      New delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26a1 and cry28a1, useful
PT      for controlling insect pests and for conferring insect resistance.
XX
PS      Claim 7; SEQ ID NO 3; 42bp; English.
XX
CC      The present invention relates to the isolation of novel cry26a1 and
CC      cry28a1 delta-endotoxin genes from Bacillus thuringiensis ssp.
CC      finlithmus. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also
CC      disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and
CC      compositions containing the toxins. The methods and sequences of the
CC      invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to
CC      confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone
CC      that contains the coding sequence for cry28a1 delta-endotoxin.
XX
SQ      Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

```

```

Query Match      7.2%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;
Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1.5e-17;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

Qy      303 AGGTGCTAATAATATATCTTTTGTGATCCCTATATCATCTGCTTTTGGCCCGGAGAAACA 362
Db      1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTTGGAACTTGGCTCCGCTCTTTGGCTGATCCAGAGA 1352
Qy      363 AGA---CAAAACGTATGACACAAATTTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 419
Db      1353 AGATCAAAAAAAATTTGTGACAAATTTATGAAAACAGGAGAAACCTTTAAATCAAAAC 1412
Qy      420 GTTACAGAAAAGCATAAAGCATTAAGTTACAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATATT 479
Db      1413 AATTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTTAGCTCATCTAATGTTTAAAGATGATTT 1472
Qy      480 ACAAGCTATATACAGCATTTAGATGATGATGAGAAAATTAAGAACTACAGCTCTGG 539
Db      1473 AACGTACTATGAAAGACATTTATGATGATGGAAGAGAAATCCAAATATCTGCGAG 1532
Qy      540 ATTACACCATCATCAGCATTTACAAACAGCTGCTTGACTTAAATAGCATTTGAGAA 599
Db      1533 ATTGATACAGAG-----GATTTGAAA 1556
Qy      600 TGTTCACAAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTATAAACGCT 659
Db      1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCAACATCCAACTTCCACGATGACATTT 1616
Qy      660 ATTACTACCTAATTTATGCGCAAGCTGTAAATTTTCATTTAATTTATTAACAAGGTGC 719
Db      1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAAAGTCGCAAAATTTACATTTGATTTATACATCAAGGCT 1676
Qy      720 TGAATGCTGATGAATGAATGAGATGCAATATATATCTTACAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db      1677 ACAATTCGCGATCAAGATGAATGAGATGCAATCAATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy      780 AACATCAGATGATATATATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTAATATATATATTTG 839
Db      1728 GTGATCAGGTAATATATATGACAGCTAATTTGATATATTAAGAAAGTATATATTTG 1787
Qy      840 TGCATAATACCTATAGAGAAGACCTAATAACTTCGAAGCAACCTAATATGAGATGAG 899
Db      1788 CACCAAGACATACCATTAAGAGATTGAATCACTTAAGAAATCAAAAAAATCACATGGGA 1847
Qy      900 TATATTTAATGATATGAGAGATATATGACTATTAAGTATTAAGTATCTATCGCTCAATT 959
Db      1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTGATTTGATCTTGTGCAACTTT 1907
Qy      960 TTTCTTTTATGATATA 975
Db      1908 TCCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 15
ABL34155/c
ID      ABL34155 standard; DNA; 15548 BP.
XX
AC      ABL34155;
XX
DT      26-MAR-2002 (first entry)
XX
DE      Human immune system associated gene SEQ ID NO: 2128.
XX
KW      Human; immune system disease; cytosine methylation; antiasthmatic;
KW      antiarteriosclerotic; antianemic; cytosolic; noctropic;
KW      neuroprotective; anti-HIV; anticonvulsant; ophthalmological;
KW      antineumatic; antiarthritic; antidiabetic; antiporotic;
KW      antileukemic; cancer; eye disease; arteriosclerosis; anemia;
KW      acute myeloid leukaemia; Alzheimer's disease; AIDS; epilepsy;
KW      neurofibromatosis; Rheumatoid arthritis; psoriasis; bowel disease; gene;
KW      ds.
XX
OS      Homo sapiens.

```



[illegible]

Search completed: December 21, 2005, 13:16:09  
Job time : 1333.65 secs

Miss Mary Smith

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 12:24:22 ; Search time 8863.43 seconds  
(without alignments)  
11797.817 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235  
Sequence: 1 gtgacatcaataataataa.....caactatgatgatgataa 2235

Scoring table: IDENTITY\_NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 41078325 seqs, 23393541228 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 82156650

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

EST:\*

1: gb\_est1:\*

2: gb\_est2:\*

3: gb\_est3:\*

4: gb\_hlc:\*

5: gb\_est4:\*

6: gb\_est5:\*

7: gb\_est6:\*

8: gb\_est7:\*

9: gb\_g881:\*

10: gb\_g882:\*

11: gb\_g883:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
C 1	100	4.5	2157	10	CL081966 CH216-165
C 2	98.4	4.4	1758	10	CL509408 SAIL 811
C 3	95.2	4.3	1981	10	CL082000 CH216-165
C 4	90.2	4.0	1392	10	CG757503 P052-4-CO
C 5	90	4.0	1539	10	AG340947 Mus muscu
C 6	90	4.0	1896	10	CG753083 P048-1-CO
C 7	89.4	4.0	1542	10	AG386981 Mus muscu
C 8	88.8	4.0	1608	10	CL118721 ISB1-72J8
C 9	88.4	4.0	1489	10	AG350139 Mus muscu
C 10	87.2	3.9	734	10	CNS010MP
C 11	86.8	3.9	1348	10	CG749499 P043-4-AO
C 12	86	3.8	1101	10	CNS00EVL
C 13	85	3.8	1391	10	CG754863 P050-2-GO
C 14	84.6	3.8	1242	10	CL068807 CH216-115
C 15	84.6	3.8	2270	10	AG279272 Mus muscu
C 16	81.4	3.6	994	11	CNS04NOJ
C 17	81	3.6	1272	1	AJ927522 Tetradon
C 18	80.6	3.6	1271	10	CG748753 P042-4-AO
C 19	79.8	3.6	1038	11	CNS06L7M
C 20	79.8	3.6	1101	10	CNS0039G
C 21	79.8	3.6	1238	1	AJ925855 Mus muscu
C 22	79.4	3.6	1254	10	AG349719 Mus muscu

C 23	79.2	3.5	1928	10	CL073845
C 24	78.8	3.5	1594	10	CL110653
C 25	78.6	3.5	1592	10	CG750135
C 26	78.2	3.5	1592	10	CG750135
C 27	78.2	3.5	1605	8	DN712410
C 28	78.2	3.5	1811	10	CG753732
C 29	77.6	3.5	1632	10	CL082569
C 30	77.4	3.5	1095	1	AJ926415
C 31	77.4	3.5	1313	7	CK997149
C 32	77.4	3.5	1388	10	AG278124
C 33	76.8	3.4	1202	9	CC262481
C 34	76.4	3.4	1200	1	AJ928743
C 35	76.4	3.4	1277	9	CC253231
C 36	76.4	3.4	1380	1	AJ928744
C 37	76.4	3.4	1626	6	CP238805
C 38	76.4	3.4	1807	10	AG333676
C 39	76.2	3.4	1201	10	CNS0167M
C 40	76.2	3.4	1210	10	CG749728
C 41	76.2	3.4	1272	9	CC264939
C 42	76.2	3.4	1896	10	CG753083
C 43	76	3.4	1962	10	AG390999
C 44	75.8	3.4	1101	10	CNS0039G
C 45	75.8	3.4	1359	8	DN685273

#### ALIGNMENTS

RESULT 1  
LOCUS CL081966/CL081966 2157 bp DNA linear GSS 31-DEC-2003  
DEFINITION CH216-165D13 Sp5.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone  
ACCESSION CL081966  
VERSION CL081966.1 GI:40537879  
KEYWORDS GSS.  
SOURCE Xenopus tropicalis (western clawed frog)  
ORGANISM Xenopus tropicalis  
Xenopus tropicalis  
Bukaryota; Metazoa; Chordata; Craniota; Vertebrata; Euteleostomi;  
Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidoidea; Pipidae;  
Xenopodinae; Xenopus; Silurana.  
1 (bases 1 to 2157)  
Kremetzki, C., Carter, J., McPherson, J., Warren, W., Graves, T.,  
Mardis, E., and Wilson, R.  
A physical map of the xenopus tropicalis genome  
Unpublished (2003)  
Contact: Richard K Wilson  
Genome Sequencing Center  
Washington University School of Medicine  
Email: submissions@wustl.edu  
Insert Length: 175000 Std Error: 0.00  
Seq primer: Sp5 atcgcgcgttcgacct  
Class: BAC ends  
High quality sequence start: 341  
High quality sequence stop: 412.  
Location/Qualifiers  
1..2157  
/organism="Xenopus tropicalis"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/strain="Nigerian frog"  
/db\_xref="taxon:8364"  
/clone="CH216-165D13"  
/sex="male"  
/cell\_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"  
/clone\_id="CH216"  
/note="Vector: pYARAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis  
BAC library"

#### ORIGIN

Query Match 4.5%; Score 100; DB 10; Length 2157;  
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 2.7e-08;  
Matches 645; Conservative 0; Mismatches 820; Indels 13; Gaps 4;



OY	759	ACAAATTGACCTTAATGCTGGCAATCGAGACGACTATATATTAACCTTTAAAAGGAAAAAT	818
Db	1775	ACAAAATTTACATTTTAAAAATAAAAATTAATATTTATTAATAAATTAATTAATAT	1716
OY	819	ACCTAAATATAGTAACTATTTGTGCAAAATACCTATAGAGAGACTAAATTAACCTCGAA	878
Db	1715	AAATCAAAATATATTAATTAATTAACAAAATAAATTAATTAATA-----AATTAATTAATAATA	1661
OY	879	CGAACCTTAATATGAGATGAGATATTTATATGATTTATGGAAGATATATGACTATTACTGT	938
Db	1660	AAAAAAAATTAATTAACAAAACAAAATAAATAATTAATAATTAATAATTAATAATAT	1601
OY	939	ATTAGATCTCAATCGCTCAATTTCTTTTAAGATATAAGAGATCAAGAATTCATATGG	998
Db	1600	AAAAAATATATTTGAAACATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAT	1541
OY	999	AAGAATAGGTGGCACTTAAACTGAACCTTACAGAGAAATTTATCAACTGAATTAATTT	1058
Db	1540	AAAAATTAACCAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	1481
OY	1059	TGACCGTCTTACTTACCTTGAATTCACCAATCGCTATATGAAATTAATTTAAC	1118
Db	1480	TATATAATTAACATTAATAAATAAATAAATAAATAATATATATATAAATAAATAAATAAC	1421
OY	1119	ACGTTACGGGCTTAATATATTTTCATT--TTAGATGAACCTTAATTTATTAACAAAAATG	1177
Db	1420	AAATTTAAAAAAAACATATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1361
OY	1178	AAACGTACGGGAATCGTTTATGTTGTAATGGCAATCGTATAGATCTTATATGCTACGA	1237
Db	1360	AAATATTAATTAATTAACAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	1301
OY	1238	CAGGAACCTGAATTTATATATGAGAAAGACAGTCCACCAACAAATACTTTAATAC	1297
Db	1300	AAAAAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	1241
OY	1298	CATTGAATCCATTAAGTTTCAATTTGTAACGTATAGACAGTACCTCTTCCCTT	1357
Db	1240	AAAAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	1181
OY	1358	TTCCTAACATATCTTTCACAAATTAATCAAACTTATTTAATAATTAATTCACCTAGTA	1417
Db	1180	ATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1122
OY	1418	ATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAATAAATAAATAA	1477
Db	1121	TAAAAAAAACAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1062
OY	1478	AATTTCCGTAAAAAATAAGCTGTAAACCAATTAATTAATCCAAATGTTTACCAAGTATA	1537
Db	1061	AAAAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	1002
OY	1538	ATAGTTATAGTCATATTTTATCCCAAGTTTCTTTATTTAATTAATCTTATTAATAATGGAT	1597
Db	1001	AAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	942
OY	1598	TAGCGCTTAATATATTAATATACAGGTGCAATTAGATGACACACAGTAGTGTATATAGA	1657
Db	941	AATAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	882
OY	1658	ATAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTAATCAATGATCCGCAATCAAGGTATACGCTTG	1717
Db	881	AATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	822
OY	1718	ATACAAACTTAAGGTATTTAGAGACCGTGGTCATACAGAGGAACCTTGGTTTATTTAC	1777
Db	821	ATTAAT-----AAAAAATAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	768
OY	1778	AAAGTCAGAGGCGTTTAGAGATTACATGTAGACATCTTAATTTCTACAAATCTTATTTACA	1837
Db	767	TTAATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	708
OY	1838	TTAGACTTGATACGCTCAAAATGGTCTGGAATAATACCTTCTCTATATATCTTTACA	1897

Db		707	AAAAATTTAAAAA..TAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATCTTA	648
Oy		1998	TACGAGGATATAGAATACCACTCAGCACTCAAACAACACTTTTCGTGTACAATT	1957
Db		647	AAAATATATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	588
Oy		1998	ATATATATTTTGCATACGGAGATTTGGGTATTTCCATTTCGAATCGTAACATTAC	2017
Db		587	ATTAATAATATATATAATAAACATATAATAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATAAAAA	528
Oy		2018	CTTTAAATTCGAAACATACCATTTTATTTATTCGTGAGATGTATCAAAATTCATTAA	2077
Db		527	AATTAATAAAAAAAAAATTAATTAATTAATAACAAATTAATAAAAAAAAAATTAATA	468
Oy		2078	TCATTGATAAATTTGAATTTATTCCAATTACTTCCTGTACGCCAAATAGAGAAAAC	2137
Db		467	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATAATAATAAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAA	408
Oy		2138	AAAAATTTGAAATCTATCCAAACAAAATTAATATCTTTTCGAATCATCAAAAAATA	2197
Db		407	AAAAAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	348
Oy		2198	CTTTAAATATATGAAAGCCACAACACTATGATTTGATTAA	2235
Db		347	AAAAAAAAACCATATAATAATAATAATAATAATAATAATA	310
RESULT 2				
CLUS09408				
LOCUS		1758 bp	DNA	linear GSS 01-APR-2004
DEFINITION		SAIL_811.H11.v3 SAIL Collection Arabidopsis thaliana genomic clone		
ACCESSION		SAIL_811.H11.v3	Genomic survey sequence.	
VERSION		CLS09408		
KEYWORDS		CLS09408.1 GI:46006728	GSS.	
SOURCE				
ORGANISM		Arabidopsis thaliana (thale cress)		
		Arabidopsis thaliana		
		Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;		
		Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;		
		rosids; eurosoid II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopses.		
REFERENCE		1 (bases 1 to 1758)		
AUTHORS		Seesions,A., Burke,E., Presting,G., Aux,G., McElver,J., Patton,D., Dietrich,B., Ho,P., Baccaden,J., Ko,C., Clarke,J.D., Cotton,D., Bullis,D., Snell,J., Miguel,T., Hutchison,D., Kimmery,B., Mutzel,T., Katagiri,F., Glazebrook,J., Law,M. and Goff,S.A.		
JOURNAL		A high-throughput Arabidopsis reverse genetics system		
PUBMED		Plant Cell 14 (12), 2985-2994 (2002)		
COMMENT		12468722		
		Contact: Seesions A		
		Applied Trait Genetics		
		Syngenta Biotechnology Inc.		
		3054 Cornwallis Rd., Research Triangle Park, NC 27709, USA		
		Email: allen.seesions@syngenta.com		
		ABRC Stock Number CS836276; T-DNA left border flanking sequences of		
		Syngenta Arabidopsis insertion library (SAIL) lines are available		
		through the Arabidopsis Biological Resource Center (ABRC).		
		Sequences represent a pool of amplified genomic regions and not		
		single contiguous sequences.		
		Class: TMNA tagged.		
FEATURES				
Source		Location/Qualifiers		
		1..1758		
		/organism="Arabidopsis thaliana"		
		/mol_type="genomic DNA"		
		/ecotype="Columbia"		
		/db_xref="taxon:3702"		
		/clone="SAIL_811.H11.v3"		
		/clone_id="SAIL Collection"		
		/note="T-DNA left border sequences were isolated using a		
		modified TAII-PCR strategy"		
ORIGIN				
Query Match		4.4%; Score 98.4; DB 10; Length 1758;		

Best Local Similarity 33.4%; Pred. No. 5.4e-08;  
Matches 513; Conservative 0; Mismatches 1019; Indels 4; Gaps 2;

```

Qy 699 AATTTTACACAGAGTGTGATTTGGCTGATGAAATGCAATGCAATATACATCTTC 758
Db 144 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 203
Qy 759 ACAATTTGAACTTAATGCTGACATGATGATTAATTAACCTTTTAAAGAAATAT 818
Db 204 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 263
Qy 819 ACTTAATATATAGTACTATTTGCAAACTATATGAGAGCACTTAATTAATCTGAAA 878
Db 264 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 323
Qy 879 CGAAGCTTAATGAGATGATATATTAATGATTAATGAGATATATGACTTACTGT 938
Db 324 NAAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 383
Qy 939 ATTGATATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATTAAGAGATACAAAGTTCAATG 998
Db 384 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 443
Qy 999 AAGATAGTGGCATTAATACTGAACTTAACAAGAAATTTATCACTGAATATAATT 1058
Db 444 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 503
Qy 1059 TGACCGTCTTACTTACTGTAATCAACCAATCTGCTATTAATGATTAATTTAAC 1118
Db 504 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 563
Qy 1119 ACGTTCAAGGCTGATTTATTTTGAATGAACTTATATTTATACAAAAATGA 1178
Db 564 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 623
Qy 1179 AACGTACGGGAATGTTAGTATGCAATCGTAATGATCTACTTATGCTACAC 1238
Db 624 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 683
Qy 1239 AGGAATCTGAATTAATATGAGAGAAAGACGTCCACCAACAAACTTTAATACC 1298
Db 684 ANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 743
Qy 1299 ATTTGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGATGATGACAGTAATCTTACTTCCCTT 1358
Db 744 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 803
Qy 1359 TCCTAACATATCTTCAATTAATCAATGAACTTATTTAATAATACCTAGTAA 1418
Db 804 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 863
Qy 1419 TAAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTA--ATGATAAAAACAAGTAT 1475
Db 864 AATAATTAATAATATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 923
Qy 1476 TCAATTTCTGTAAAAAGCTGTAACCAATTAATCAATTTGTTTCAAGCTA 1535
Db 924 TNAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 983
Qy 1536 TAATAGTTATGATATTTATCCAGTTTCTTATTAATTAATTCCTTAATAATGG 1595
Db 984 TAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1043
Qy 1596 ATTAGCGTAAATATATTAATTAACAGTCAATGAGTACACACAGTAGTGTAAATG 1655
Db 1044 AATAAANTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1103
Qy 1656 AATAATGCAATTCAGATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715
Db 1104 NTTTAANTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1163
Qy 1716 TGATACAACTCTAAGTAATTTGAAGACGTGCTATCAGAGGAACCTGTTATTT 1775

```

```

Db 1164 TANAANTNAATTTAANATTTAATTAATNTNTAATTAATAAATTAATTAATTAATTAAT 1223
Qy 1776 ACAAGTCAGAGGCGTTTAGAGATTAATGATTAAGAACCCPAATTCACAACTTATTA 1835
Db 1224 TAATAANTNTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1283
Qy 1836 CATTAGACTTCGATACGCTCAATGCTGCAAACTCTTCTATATATCTCTTAC 1895
Db 1284 AATATTAATTAANTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1343
Qy 1896 AATACAGAGATTAATTAAGAAATACCACTCAAGCACTCAACAACCTTTTCTGTACAA 1955
Db 1344 ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1403
Qy 1956 TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2015
Db 1404 TTATTTNTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1463
Qy 2016 ACCTTAATTCGAAACATACATTAATTAATTAATTCGAGATGATCAATTCATTTT 2075
Db 1464 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1522
Qy 2076 AATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2135
Db 1523 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1582
Qy 2136 ACAAAATTTGAACATCTCCAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2195
Db 1583 NANTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1642
Qy 2196 TACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2231
Db 1643 TTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1678

RESULT 3
CL082000/c 1981 bp DNA linear GSS 31-DEC-2003
DEFINITION CH216-165P18 RM4.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone
ACCESSION CL082000
VERSION CL082000.1 GI:40537913
KEYWORDS GSS.
SOURCE Xenopus tropicalis (western clawed frog)
ORGANISM Xenopus tropicalis
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidea; Pipidae;
Xenopodinae; Xenopus; Silurana.
1 (bases 1 to 1981)
REFERENCE
Kremitzki, C., Carter, J., McPherson, J., Warren, W., Graves, T.,
Wardle, E. and Wilson, R.
A physical map of the xenopus tropicalis genome
Unpublished (2003)
Contact: Richard K Wilson
Genome Sequencing Center
Washington University School of Medicine
Email: submissions@wustl.edu
Insert Length: 175000 Std Error: 0.00
Seq primer: RM4 ctcaagcgatcgctgagc
Class: BAC ends
High quality sequence start: 265
High quality sequence stop: 497.
Location/Qualifiers
1..1981
/organism="Xenopus tropicalis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="Nigerian frog"
/db_xref="taxon:8364"
/clone="CH216-165P18"
/sex="male"
/cell_line="Stock 248 F7A2, fibred N7"
/clone_id="CH216"
/note="Vector: pTARBAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis"

```

ORIGIN

BAC library"

Query Match 4.3%; Score 95.2; DB 10; Length 1981;  
 Best Local Similarity 43.2%; Pred. No. 2.1e-07;  
 Matches 620; Conservative 0; Mismatches 798; Indels 16; Gaps 3;

QY 808 AAGAAATATATACCTAATATATAGTAACTATGTGCAATATCTATAGAGAGAGCTAAT 867  
 DB 1978 AATTAATTAATACAGTATATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1919  
 QY 868 AACTTCGAACCAAGCTAATATGAGATGAGATATATTAATGATTTTCGAGATATATG 927  
 DB 1918 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1859  
 QY 928 ACTATTCGTATATGATGATCACTGCTCAATTTCTTTTA-----TGATATA 976  
 DB 1858 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1799  
 QY 977 AGAGATACAAAGATTCATATAGAGAAATAGTGCCATTAATCACTTACAGAGAA 1036  
 DB 1798 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1739  
 QY 1037 TTTATACACTGAATTAATTTTGACCGCTTACTTCTTGAAATTCACCAATCTCG 1096  
 DB 1738 TAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1679  
 QY 1097 CTATATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1156  
 DB 1678 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1619  
 QY 1157 TTAATTTTATACAAAAATGAAACGTACGGAAATCGTTAGTTGTATGCGATCGTA 1216  
 DB 1618 ATAAATATCATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1559  
 QY 1217 ATGATCTACTTATGCTACAGAGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1276  
 DB 1558 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1499  
 QY 1277 CCAACAAATACTTATATCAATTTGATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1336  
 DB 1498 AATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1439  
 QY 1337 AAGTACTCTACTCCCTTTCTTCTTCAATATATCTTACATTAATTAATTAATTAATTA 1396  
 DB 1438 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1379  
 QY 1397 ATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1456  
 DB 1378 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1319  
 QY 1457 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1516  
 DB 1318 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1259  
 QY 1517 CAATTTGTTACCAAGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATTA 1576  
 DB 1258 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1199  
 QY 1577 ATTAATTCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1636  
 DB 1198 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1139  
 QY 1637 CACACGTAGTGT--AATGAAATTAATGCAATATGCAATTAATTAATTAATTAATTA 1693  
 DB 1138 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1079  
 QY 1694 CAGCAATCAAGGTACAGTCTTGATACAACTTAAGTATTAAGAGACCTGTGCTATA 1753  
 DB 1078 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1019  
 QY 1754 CAGAGAAACCTGTGTTATTTACAAAGTCAAGGCGCTTATGAGATTAATTAATTAATTA 1813

DB 1018 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 959  
 QY 1814 CTAAATCTACACAACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1873  
 DB 958 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 899  
 QY 1874 CTCTTCCTAATATATCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1933  
 DB 898 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 841  
 QY 1934 ACACACTTTTCTGTGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1993  
 DB 840 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 781  
 QY 1994 AATTCAGATACAGTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2053  
 DB 780 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 721  
 QY 2054 CAGATGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2113  
 DB 720 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 661  
 QY 2114 CTGTACGCCAAATTAAGAAAAATTAAGAACTATCCAAACAAATTAATTAATTA 2173  
 DB 660 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 601  
 QY 2174 TTTTCAATATCAATCAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2227  
 DB 600 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 547

RESULT 4  
 CG757503/c 1392 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003  
 LOCUS P052-4-C08.2a Ppa EcORI BAC library Pristionchus pacificus genomic,  
 DEFINITION genomic survey sequence.  
 ACCESSION CG757503  
 VERSION CG757503.1 GI:37986131  
 KEYWORDS GSS.  
 SOURCE Pristionchus pacificus  
 ORGANISM Pristionchus pacificus  
 Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;  
 Neodiplogasteridae; Pristionchus.

REFERENCE  
 1 (bases 1 to 1392)  
 Srinivasan,J., Simz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebolte,L., Jansen,K.,  
 Brinjeer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.  
 An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus  
 pacificus  
 JOURNAL Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)  
 PUBMED 12884007  
 COMMENT Contact: Sommer RJ  
 Evolutionary Biology  
 Max-Planck-Institute for Developmental Biology  
 Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany  
 Tel: 00497071601371  
 Fax: 00497071601498  
 Email: ralf.sommer@tuebingen.mpg.de  
 Class: BAC ends.

FEATURES

source

1..1392  
 /organism="Pristionchus pacificus"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /strain="California"  
 /db\_xref="taxon:54126"  
 /clone\_lib="Ppa EcORI BAC library"  
 /note="The library was generated by a partial digest of  
 the genomic DNA with EcORI and cloning into the BAC  
 vector."

ORIGIN

Query Match 4.0%; Score 90.2; DB 10; Length 1392;  
 Best Local Similarity 44.0%; Pred. No. 1.8e-06;  
 Matches 412; Conservative 0; Mismatches 523; Indels 1; Gaps 1;

```

Qy 788 ATGACTTATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTATTGTGCAATA 847
Db 1339 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1280
Qy 848 CCTATAGAGAGAGACTAATTAATTCGAAAAGAACTTAATAGATGAGATATTTA 907
Db 1279 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1220
Qy 908 ATGATTTCGAAAGATATGACTTTACTGTATTAATGATACATGCTCAATTTCTTTT 967
Db 1219 AAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATAATA-TATATTAATTAATAATAATAATAAT 1161
Qy 968 ATGATTAAGAGATACAAAGATTCAATAGAGAAATGTGGCAATTAATACTGAACCTA 1027
Db 1160 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1101
Qy 1028 CAAGAGAAATTTATTAACAAGTAATTAATTTTGAACCGCTTACTTACCTGAAATTCAC 1087
Db 1100 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1041
Qy 1088 CCAATCTCGTAATAGAAATTAATTAACAGCTTCAGGCTTATGATTAATTTCAATTT 1147
Db 1040 TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 981
Qy 1148 TAGATGAATTAATTTTATTAACAATAATGAACCTAGGCAATCTTACTGATATG 1207
Db 980 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 921
Qy 1208 CGAATCGTATAGATCTTACTTATGCTACGACAGAACTGAATTAATATATGAGAGAA 1267
Db 920 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 861
Qy 1268 CAGGTCCACCAACAATACTTAAATACATTTGAATCTTAATTAATTAATTAATTA 1327
Db 860 AAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 801
Qy 1328 CTGATAGCAAGTAACTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1387
Db 800 TAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 741
Qy 1388 TTGAATCTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1447
Db 740 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 681
Qy 1448 TATCTAATGATTAATAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACGTAAACAA 1507
Db 680 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 621
Qy 1508 TTATTAATCAAAATTTGTTACCAAGCTAATAGTATAGTCATTTTATCCAGTTT 1567
Db 620 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 561
Qy 1568 CTTATTAATTAATTTCTATTAATTAATTTGATTAAGCTTAATTAATTAATTAATTA 1627
Db 560 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 501
Qy 1628 TAGATGACACACAGTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1687
Db 500 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 441
Qy 1688 TGATCCCGCAATCAAGGTAAAGCTTTGATCA 1723
Db 440 TAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 405

```

```

RESULT 5
AG340947/c 1539 bp DNA linear GSS 18-DEC-2004
LOCUS Mub musculus molossinus DNA, clone:MSW01-134C16.T7, genomic survey
DEFINITION AG340947
ACCESSION AG340947
VERSION AG340947.1 GI:47914257

```

```

KEYWORDS GSS.
SOURCE Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)
ORGANISM Mus musculus molossinus
REFERENCE Bukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
AUTHORS Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
1 Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
TITLE Abe, K., Noguchi, H., Tagawa, K., Yuzuriha, M., Toyoda, A., Kojima, T.,
AUTHORS Ezawa, K., Saitou, N., Hattori, M., Sakaki, Y., Moriaki, K. and
Shiroishi, T.
JOURNAL Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to
PUBMED genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end
15574823 sequence-SNP analysis
2 (bases 1 to 1539)
REFERENCE Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)
AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC);
1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan
(B-mail:hattori@sc.riken.jp, URL:https://hgp.gsc.riken.go.jp/,
Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
COMMENT Clones are derived from the mouse BAC library MSW01. For BAC
library availability, please contact Kuniya Abe (abe@ctc.riken.jp).
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: abe@ctc.riken.jp
PRIMERS
Sequencing : T7
LIBRARY : pBAC3.6
Vector : EcoRI
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI
FEATURES
location/Qualifiers
1..1539
/organism="Mus musculus molossinus"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="molossinus"
/db_xref="taxon:57486"
/clone="MSW01-134C16.T7"
/sex="male"
/tissue_type="mixture of kidney and spleen"
/clone_id="MSW01 Mouse Male BAC Library"
ORIGIN
Query Match 4.0%; Score 90; DB 10; Length 1539;
Best Local Similarity 42.2%; Pred. No. 2e-06;
Matches 603; Conservative 0; Mismatches 822; Indels 5; Gaps 4;
Qy 786 AGATGACTTATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTATTGTGCAAA 845
Db 1528 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1469
Qy 846 TACCTATAGAGAGAGACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 905
Db 1468 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1409
Qy 906 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 965
Db 1408 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1349
Qy 966 TTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1024
Db 1348 TATAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1289
Qy 1025 TTACAAGAGAAATTTATTAACAAGTAATTAATTTTGAACCGCTTACTTGAATTC 1084
Db 1288 GTATTAATTAATTAATTTATAGAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1229
Qy 1085 AACCAATCTCGTATATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAT 1144

```

[illegible][illegible]









QY	965	TTTATGATATTAAGATACAAAGTTCAATGGAAGAATGAGTGCATTAAACTGAAC	1024
Db	373	TTAAAAATTAATAAAAAAAAAATTAATAATTAATAATTAATAAAAAAAAAATAAT	432
QY	1025	TTACAGAGAAATTTATCACTGAGAAATTAATTTGACCGTCTTACTTACCTGAAATTC	1084
Db	433	AAAAATTAATAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAA	492
QY	1085	AACCAATCTGCTATTAATGGAATTAATTTAACAGTTGAGGCTTAGATTATTTTCAT	1144
Db	493	AAAAAAAAAGCAAAAAAAAAACACTTTTTTTTTTTTTGAGGGGAGAAAAAAAAAAAA	552
QY	1145	TTTTAGATGAAGCTTATATTTTATACAAATAATGAAAGCTACGGGAATGTTAGTGGTA	1204
Db	553	AAAAAACCCCAATTAATATTTTTTTTTAAAAATTAATAATAATAATAATAAGAA	612
QY	1205	TTGGCAATCGTAATAGATCTACTTAATGCTACGACGAACTGAAATTTATATGAGAGAA	1264
Db	613	ATATTAATAATTTATTAATAGATTAATTAATAAAAAAAAAAATTAATAATTAATAATAA	672
QY	1265	GAAACGCTCACCAACAATAAACTTTAATACCAATTTGAATCCTATTAAGTTCAATTG	1324
Db	673	AAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAA	732
QY	1325	TAACTGATGACAGATTAACCTCTACTCCCTTTTCTTAATATACTTTACAAATTAATC	1384
Db	733	AAAAATTAATTAAGAAA-----AATTAATATTAATAAAAAAAAAATTAATAATAATTA	788
QY	1385	AAATTTGAAGCTTAATTAATAATTAATCACTTAATTAATTAACATTAATCACTGGGGGA	1444
Db	789	AATTAATAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	848
QY	1445	ATTTATCTAATGATTAATAATAAAACAATGATTTTCATTTCTGTAAAAAAGACTGTA-AA	1503
Db	849	AATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	908
QY	1504	CCAAATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTAATTAATTAATGATCAATTTTAATCCAG	1563
Db	909	AAAAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAA	968
QY	1564	TTTTCTTAATTAATTTATCTTAATAATTTGATTAGGCTTAATAATTAATTAATTAACGT	1623
Db	969	AAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAA	1028
QY	1624	GCATTAGAGTGAACACAGTAGTGTATTAATGAATAATGCAATATCAGATTAATAATT	1683
Db	1029	AATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	1088
QY	1684	ACAATGATCCAGCAATCAAGGTACAGCTTGATACAAACTCTAAGSTAAATTGAAGA	1743
Db	1089	AAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAA	1148
QY	1744	CTGTGCTATACAGAGAAACTGTGTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAATTAACA	1803
Db	1149	AAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAA	1208
QY	1804	TGTAGAACTCTAATTTACACAATCTTATTAACATTAGACTTGATCGTACAAATGCT	1863
Db	1209	AAAAAAAAAAAAAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	1268
QY	1864	GCTGGAATTAAGCTTCTTAATATATCTGTTACAAATCACAGAGTAAATGAATACACT	1923
Db	1269	AAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAT	1328
QY	1924	CAAGACATCAACAACCTTTTCTGTGTCAAAATTAATTAATTTTCAATACGGAGATTT	1983
Db	1329	TAGAAAAAATAAAAA-----TAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	1378
QY	1984	GGGTATTTCAATTTCAAGTACAGTAACTTAACCTTTAAATCGAAACATACC-ATTAT	2042
Db	1379	ATATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAG	1438
QY	2043	ATTTAATGCTGAGATGATCAATTTCAATTTTAATCAATGATTAATAATTGAATTTAATCC	2102

	Db	1439	AAAGAAATTAATAATTAAATTTAAAAATTTTTAAAAAATATATATTTTATTA	1498
OY	2103	AATTACTTCCTCTGTACGCCAAAATAGAGAAAACAAAAATTAGAACTATCCAAACA	2162Z	
Db	1499	AATTAATTTATTAATTAATTAATTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATA	1558B	
OY	2163	AATTAATTCATTTTTCACAAATCTCACAAAAATACTTTAATATATAGA	2211	
Db	1559	TATTAATTAATTAATAATTAATAATTAATAATTAATAATTAATAATTAATA	1607	
RESULT 9				
AC350139/c				
LOCUS				
DEFINITION	Mus musculus molossinus DNA, clone:MSMg01-146K14.TU, genomic survey			
ACCESSION	AG350139	1489 bp	DNA	linear GSS 18-DEC-2004
VERSION	AG350139			
KEYWORDS	musculus molossinus			
SOURCE	AG350139.1 GI:47923449			
ORGANISM	GSS.			
	Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)			
	Mus musculus molossinus			
	Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;			
	Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;			
	Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.			
REFERENCE	1			
AUTHORS	Abé,K., Noguchi,H., Tagawa,K., Yuzurika,M., Toyoda,A., Kojima,T., Ezawa,K., Saito,N., Hattori,M., Sakaki,Y., Moriaki,K. and Shiroishi,T.			
TITLE	Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence-SNP analysis			
JOURNAL	Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)			
PUBMED	15574823			
REFERENCE	2 (bases 1 to 1489)			
AUTHORS	Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y.			
TITLE	Direct Submission			
JOURNAL	Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC); 1-7-22 Shinto-chou,Tsurumi-Ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:hattori@gsc.riken.jp URL:http://ngp.gsc.riken.go.jp/, Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)			
COMMENT	Clones are derived from the mouse BAC library MSMg01. For BAC library availability, please contact Kuniya Abe (abe@crc.riken.jp). Tezukaba Institute, Bio Resource Center, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1 Kozyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199 e-mail: abe@rc.riken.jp			
	PRIMERS			
	Sequencing : TV			
	LIBRARY			
	Vector : pBACe3.6			
	R.site 1 : ECORI			
	R.site 2 : ECORI.			
FEATURES	Location/Qualifiers			
source	1..1489			
	/organism="Mus musculus molossinus"			
	/mol_type="genomic DNA"			
	/db_species="molossinus"			
	/db_xref="taxon:57486"			
	/clone="MSMg01-146K14.TU"			
	/sex="male"			
	/tissue type="mixture of kidney and spleen"			
	/clone_lib="MSMg01 Mouse Male BAC Library"			
ORIGIN				
	Query Match 4.0%; Score 88.4; DB 10; Length 1489;			
	Best Local Similarity 43.4%; Pred.No. 3.9e-06;			
	Matches 605; Conservative 0; Mismatches 769; Indels 20; Gaps 4;			
OY	806 TAAAGAAAAATATCTTAATATGTAATTTGTGCAAATACCTATATAGAAAGACTAA	865		



```

Qy 1520 ATGTGTTACCAAGCTATATAGTATAGTCAATATTATACCCAGTTTCTTATTTAAAT 1579
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 129 TTTTMTTTHAAATATATTTTMTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 188
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1580 ATTCTATTAATTTGATTTAGCGCTAAATATTTTATATACAGGTGATTTAGATGACAC 1639
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 189 TTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 248
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1640 ACAGATGTTTAAATTAATGCAATATGCAATATGCAATATTAATTAATGCAATGCAAGAA 1699
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 249 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 308
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1700 TCAAGGTATACAGTCTTGATCAAACTTAAGTATTTGAAGAGCTGTGATACAGAG 1759
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 309 TAAATCAATTAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 368
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1760 GAAATCTGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAATTAATGATTAATGATTAATTT 1819
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 369 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 428
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1820 CTACATCTTATTTATACATTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1879
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 429 TTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAT 488
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1880 TTAATATATCTTTTACATTAACAGAGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1939
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 489 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 548
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1940 TTTTCTGTTGATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1999
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 549 CCMCAATTTTACCHAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 608
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 2000 CAAGTACGTAATCTTACCTTAAATGAAA-----CATACCTTATTTATTTAT 2049
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 609 TTTTCTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 668
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 2050 CGTGCAGATGATCAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2099
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 669 MBTCMCATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 718
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||

```

```

RESULT 11
LOCUS CG749499/c 1348 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003
DEFINITION P043-4-A06.za Ppa EcORI BAC library Pristionchus pacificus genomic.
ACCESSION CG749499
VERSION CG749499.1 GI:37970425
KEYWORDS GSS.
SOURCE Pristionchus pacificus
ORGANISM Pristionchus pacificus
Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
Necidiplogasteridae; Pristionchus.
1 (bases 1 to 1348)
Striavasan,J., Sinz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebole,L., Jansen,K.,
Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus
pacificus
Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)
JOURNAL 12884007
PUBMED Contact: Sommer RJ
COMMENT Max-Planck-Institute for Developmental Biology
Spermannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
Tel.: 00497071601371
Fax: 00497071601498
Email: ralf.sommer@tuebingen.mpg.de
Class: BAC ends.

```

```

FEATURES
SOURCE Location/Qualifiers
1..1348
/oranism="Pristionchus pacificus"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="California"

```

```

/db_xref="taxon:54126"
/clone_lib="Ppa EcORI BAC library"
/clone="The library was generated by a partial digest of
the genomic DNA with EcORI and cloning into the BAC
vector."

```

```

Query Match 3.9%; Score 86.8; DB 10; Length 1348;
Best Local Similarity 43.4%; Pred. No. 7.7e-06;
Matches 490; Conservative 0; Mismatches 633; Indels 7; Gaps 2;
ORIGIN
1107 ATATATTTTAAACAGTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTGAATGAACTTATTTTAA 1166
1331 ATATTAATTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1272
1167 TACAAAATGAAACGTAAGGAAATCGTTAGTGGTATGCGAATCGTAATGATCTAC 1226
1271 TATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1212
1227 TTAATGCTACGACAGAACTGAATTTATATATGGAAGAAAGAGTCCACCAACAA 1286
1211 TTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1152
1287 AACTTAAATACATTT--GAATCTTAATTAAGTTTCAATTTGAATGATGACAGTAAC 1343
1151 TTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1092
1344 TCGTACTCCCTTTTCTTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1403
1091 TATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1032
1404 TAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1463
1031 AATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 972
1464 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1523
971 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 912
1524 TTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1583
911 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 852
1584 CTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1643
851 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 792
1644 TATGTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1703
791 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 732
1704 AGTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1763
731 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 672
1764 CTGTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1823
671 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 616
1824 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1883
615 TTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 556
1884 TATATCTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1943
555 TTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 496
1944 TTTGTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2003
495 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 436
2004 TACATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2063

```

```

Db      435 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 376
Qy      2064 AATTCATTTTATTCATGATAAATGATTTATATCAATTAATCTCTGTGACGCA 2123
Db      375 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 316
Qy      2124 AATAGGAAAAACAAAAATTAGAACTATCCAAACAAAAATAATATCAATTTTCACAAA 2183
Db      315 AATAAAAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 256
Qy      2184 TCATACAAAAAATCTTAATTAATAGAACCAACAACTATGATTTGATT 2233
Db      255 TTTATTAATAAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 206

RESULT 12
CNS00EVL      1101 bp      DNA      linear      GSS 04-JUN-1999
LOCUS      Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC:
DEFINITION      BACR29B23 of RPCI-98 library from Drosophila melanogaster (fruit
ACCESSION      AL069706
VERSION      AL069706.1 GI:4949849
KEYWORDS      GSS.
SOURCE      Drosophila melanogaster (fruit fly)
ORGANISM      Drosophila melanogaster
Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
1 (bases 1 to 1101)
REFERENCE      Genoscope.
AUTHORS      Direct Submission
TITLE      Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage :
JOURNAL      BP 191 91006 Evry cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr
COMMENT      - Web : www.genoscope.cns.fr)
Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a
collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP).
The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila
melanogaster genome using these BACs. For further information
please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila
melanogaster BAC library was prepared by Kazuo Ohsawa and
Aaron Mammoxer in Pieter de Jong's laboratory in the Department of
Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo,
NY. The library is named RPCI-98 and was constructed by partial
EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the
isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's
P1 and EST libraries. A more detailed description of the library
and how to order individual BAC clones, the entire library, or
filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be
found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.
location/Qualifiers
1. 1101
/organism="Drosophila melanogaster"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:7227"
/clone="BACR29B23"
/clone_1ib="RPCI-98"
/notice="end : T7"

ORIGIN

Query Match      3.8%; Score 86; DB 10; Length 1101;
Best Local Similarity 34.5%; Pred.No.1.le-05;
Matches 220; Conservative 106; Mismatches 311; Indels 1; Gaps 1;

Qy      1025 TTACAAGGAATTTATCACTGAAATTTTGAACCGCTTACTTACCTTGAAATTC 1084
Db      463 TTTTAAAAAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 522
Qy      1085 AACCAATCTCGCTATATGAAATTTATTAACACGTTACGGGCTTATTTTCAT 1144
Db      523 TTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAA 582
Qy      1145 TTTTATGATGAACCTTAATTTTATATCAAAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTAGTGTGA 1204

```

```

Db      583 TATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTT 642
Qy      1205 TTGCAATGCTATATGATGCTATGATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATGCTATG 1264
Db      643 TAATTTATTTATTAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 702
Qy      1265 GAACAGTCCACCCACCAACAAAACCTTAATACATTTGATGCTATTA -AGTTTCAATT 1323
Db      703 AATAATTAATAAATAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 762
Qy      1324 GTAACTGATGACAGTAAGTCTCTACTCCCTTTTCCCTTAATATATTTTATTAAT 1383
Db      763 TATATTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 822
Qy      1384 CAATTTGAATTTTAAATTTATTAATTTATTCACCTAGTAATTAATTAATTCAGGTGGGG 1443
Db      823 WAAATATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 882
Qy      1444 AATTTATCTAATGATTAATAAATAAACAAGTATTTTCTGTATTAATAAATAAAGCTGATA 1503
Db      883 AATTTATTTTATTTAAATTTATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 942
Qy      1504 CCAATTTTATTCATTAATTTGTTTACCAAGCTATTAATGTTATTTGCTATTTATTCGCG 1563
Db      943 AATTTATTTATTTAAATTTATTTAAATTTATTTAAATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1002
Qy      1564 TTTTCTTTATTTATTTATTTCTCTATTAATTTGATTTGCGCTTAATTTATTTATTTACAGGT 1623
Db      1003 ATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1062
Qy      1624 GCATTAAGATGACACACAGTACTGTTAATAGAAATTA 1661
Db      1063 AATTAATATTTATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 1100

RESULT 13
CG754863      1391 bp      DNA      linear      GSS 24-OCT-2003
LOCUS      PG50-2-G05.za Ppa EcoRI BAC library Pristionchus pacificus genomic,
DEFINITION      genomic survey sequence.
ACCESSION      CG754863
VERSION      CG754863.1 GI:37980782
KEYWORDS      GSS.
SOURCE      Pristionchus pacificus
ORGANISM      Pristionchus pacificus
Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
Neodiplogasteridae; Pristionchus.
1 (bases 1 to 1391)
REFERENCE      Srinivasan,J., Sins,W., Jesse,T., Wiggers-Perebolte,J., Jansen,K.,
AUTHORS      Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
TITLE      An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus
JOURNAL      Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)
PUBMED      12884007
COMMENT      Contact: Sommer RJ
      Evolutionary Biology
      Max-Planck-Institute for Developmental Biology
      Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
      Tel: 00497071601371
      Fax: 00497071601498
      Email: ralf.sommer@uebingen.mpg.de
      Class: BAC ends.
location/Qualifiers
1. 1391
/organism="Pristionchus pacificus"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="California"
/db_xref="taxon:54126"
/clone_1ib="Ppa EcoRI BAC library"
/notice="The library was generated by a partial digest of
the genomic DNA with EcoRI and cloning into the BAC
vector."

```

## ORIGIN

Query Match 3.8%; Score 85; DB 10; Length 1391;  
 Best Local Similarity 45.1%; Pred. No. 1.7e-05;  
 Matches 435; Conservative 0; Mismatches 513; Indels 16; Gaps 4;

QY 1279 ACAACAAAACCTTAAATACATTTGAAATCCCTAAAGTTCAATGTAAGTACGATGACAA 1338  
 DB 1330 ATATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1271  
 QY 1339 GTAATCCCTACTCCCTCTTCTTCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1398  
 DB 1270 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1211  
 QY 1399 TTAATTAAT--TACCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1456  
 DB 1210 TATATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1151  
 QY 1457 ATAATAAAACAACGATTTTCAATTTCCGTAAAAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATC 1516  
 DB 1150 TNAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1091  
 QY 1517 CAATTTGTTTACCAAGCTATAATAGTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTATTTA 1576  
 DB 1090 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1031  
 QY 1577 ATTAATCCCTAATAATTTGATTAAGCGCTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1636  
 DB 1030 AATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 971  
 QY 1637 CACACAGTAGTAAATAGAAATATGCAATATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCCAG 1696  
 DB 970 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 911  
 QY 1697 CAATCAAAAGGTACAGCTGTGATCAAACTCTAAAGTATTAAGAGACTGTGATACAG 1756  
 DB 910 AATATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 852  
 QY 1757 GAGAAACCTGCTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAAGTATCAATGTAAGTCTCTTA 1816  
 DB 851 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 792  
 QY 1817 ATTCTACCAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1876  
 DB 791 AAAAAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 732  
 QY 1877 TTCTTAATTAATCTCTTAACATTAACAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1933  
 DB 731 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 672  
 QY 1934 -----ACAACCTTTTCTGTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1986  
 DB 671 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 612  
 QY 1987 TATTTCAATTTCCAGTAGAGTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2046  
 DB 611 TATATATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 552  
 QY 2047 AATGTCGAGAT---GTATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCA 2103  
 DB 551 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 492  
 QY 2104 ATTAATCTCTGTGACGCAAAATTAAGAAAAACCAAAATTAAGAACTATCAAAACAAA 2163  
 DB 491 AATATAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 432  
 QY 2164 ATAATATACATTTTCAAAATCATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCA 2223  
 DB 431 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 372  
 QY 2224 GATA 2227  
 DB 371 AAAA 368

## RESULT 14

CL068807/c

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

COMMENT

## FEATURES

source

1. 1242  
 /organism="Xenopus tropicalis"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /strain="Nigerian frog"  
 /db\_xref="taxon:8364"  
 /clone="CH216-115B3"  
 /sex="male"  
 /cell\_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"  
 /clone\_id="CH216"  
 /note="Vector: pYARBAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis BAC library"

Query Match 3.8%; Score 84.6; DB 10; Length 1242;  
 Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 2e-05;  
 Matches 421; Conservative 0; Mismatches 506; Indels 4; Gaps 3;

## ORIGIN

QY 688 AATTTCAATTAATTTATTAACAACAAGTGTGAATTTGCTGATGAATGATGACAT 747  
 DB 947 AATTTCAATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 888  
 QY 748 ATACATCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGGAACATGATGATTAATTAATTAATTTA 807  
 DB 887 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 828  
 QY 808 AAGAAAAATATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 867  
 DB 827 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 768  
 QY 868 AAACCTGAAACGAACCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 927  
 DB 767 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 708  
 QY 928 ACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 987  
 DB 707 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 648  
 QY 988 GATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1047  
 DB 647 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 588  
 QY 1048 GAAATTAATTTTGAACCGCTTACTTACCTGAATTCACCAATCTGCTATTAATGAA 1107

[illegible][illegible]

```

FEATURES
Source
    Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
    phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
    e-mail: abe@tc.riken.jp
    PRIMERS
    Sequencing : TV
    Library
    Vector      : pBACe3.6
    R.Site 1    : EcoRI
    R.Site 2    : EcoRI
    Location/Qualifiers
        1..2270
            /organism="Mus musculus molossinus"
            /mol_type="genomic DNA"
            /sub_species="molossinus"
            /db_xref="taxon:57486"
            /clone="MSMg01-050A24.TV"
            /sex="male"
            /tissue="mixture of kidney and spleen"
            /clone_id="MSMg01 Mouse Male BAC Library"

```

**ORIGIN**

Query Match	3.8%	Score 84.6;	DB 10;	Length 2270;
Best Local Similarity	42.7%;	Pred. No. 2e-05;		
Matches 650; Conservative	0;	Mismatches 869;	Indels 5;	Gaps 4;

[illegible]







11. 12. 1944

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 11:32:30 ; Search time 1190.5 seconds  
(without alignments)  
11352.922 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235  
Sequence: 1 gtgaatcaataataataa.....caactatgatgatgataa 2235

Scoring table: IDENTITY\_NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5883141 seqs, 28421725653 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 11766282

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%  
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:\*  
1: gb\_ba:\*  
2: gb\_in:\*  
3: gb\_env:\*  
4: gb\_om:\*  
5: gb\_ov:\*  
6: gb\_pat:\*  
7: gb\_ph:\*  
8: gb\_pr:\*  
9: gb\_ro:\*  
10: gb\_sts:\*  
11: gb\_sy:\*  
12: gb\_un:\*  
13: gb\_vt:\*  
14: gb\_htg:\*  
15: gb\_pl:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the total score being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2235	100.0	2235	6	CQ868307 Sequence
2	2085	93.3	2085	6	CQ868309 Sequence
3	1903.8	85.2	2208	6	CQ868305 Sequence
4	384.6	17.2	3543	1	BTTOXD1
5	384.6	17.2	4253	1	BACTSRH4
6	384.6	17.2	4451	6	108083
7	384.6	17.2	4451	6	109103
8	384.6	17.2	4934	6	E01676
9	384.6	17.2	127923	1	BTBPTOXIS
10	222.6	10.0	127923	1	BTBPTOXIS
11	221.8	9.9	6009	1	BTB251977
12	221	9.9	3753	1	BACMSOB
13	209.6	9.4	3756	6	E00614
14	202.8	9.1	4334	1	D0078744
15	190.8	8.5	4959	1	AF285775
16	181.4	8.1	3752	1	AB125059
17	175.4	7.8	1993	6	I03578
18	170	7.6	3642	1	AB193814

19	161.2	7.2	4896	1	AF132928
20	149.6	6.7	3644	1	BTB251978
21	117	5.2	15548	6	AX347057
22	105.8	4.7	133877	14	AC120883
23	100.6	4.5	3535	6	106096
24	100.6	4.5	3684	1	BTTOXD2
25	100.6	4.5	3684	1	108884
26	100.6	4.5	3684	1	108884
27	99.4	4.4	1738	6	103580
28	99.4	4.4	178670	8	AC104073
29	99.2	4.4	349980	6	AX344555
30	99	4.4	4186	1	BACISRH3
31	99	4.4	4186	6	E01905
32	98.2	4.4	72243	8	AL731858
33	97.8	4.4	3536	6	E01029
34	97.8	4.4	4056	1	BACRYD2
35	96.8	4.3	254050	2	PFA929358
36	96	4.3	104992	14	AC005504
37	96	4.3	169546	14	AC004157
38	96	4.3	176898	8	AC117569
39	96	4.3	250421	2	AE014849
40	95	4.3	3668	1	D88381
41	94.4	4.2	110000	14	PFMAL8P1_05
42	93.6	4.2	8056	6	AX599046
43	93.6	4.2	348174	2	CR382399
44	92.6	4.1	3507	1	BTB04365
45	92.6	4.1	3507	6	125972

#### ALIGNMENTS

RESULT 1	CQ868307	2235 bp	DNA	linear	PAT 13-SEP-2004
LOCUS	Sequence 8 from Patent WO2004074462.				
DEFINITION	CQ868307				
ACCESSION	CQ868307.1	GI:51998353			
VERSION					
KEYWORDS					
SOURCE					
ORGANISM	Bacillus thuringiensis				
REFERENCE	1				
AUTHORS	Carozzi, N., Hargiss, T., Koziele, M.G., Duck, N.B. and Carr, B.				
TITLE	Delta-endotoxin genes and methods for their use				
JOURNAL	Patent: WO 2004074462-A 8 02-SEP-2004;				
FEATURES	Athenix Corporation (US)				
source	location/Qualifiers				
	1..2235				
	/organism="Bacillus thuringiensis"				
	/mol_type="unassigned DNA"				
	/db_xref="taxon:1428"				
	1..2235				
	/notes="unamed protein product"				
	/codon_start=1				
	/transl_table=1				
	/protein_id="CAH3949.1"				
	/db_xref="GI:51998354"				
	/translation="MNQNNNEVEIIDSKNLSYPSNRNIDSRYPYTNPNPOPLQNTN				
	YKEMLNCCGCTGYDGNPFASADITAAVAGTIVGTLAIGGLGISGPIGTC				
	AIISFGTLIVFPAGBODKTWTGTITKGEIVDVPTLSIKOLQITREGRQIL				
	QSYVTPALDDWKKRLQAPGIPSSALQOALTKIRFENHNPFRIRIPQQLSTYK				
	TLPLPIYAQAANFHLNLOQASALADENADIHPSQLEPNAGTDDVYKLLKENIPKY				
	SNYCANTYREGINLRNEPNRMSIIPNDYRMYTIVLDITAGSFDYIKYKOSIGR				
	IGGKTELREIYTYEINFDRLTYLEIQPNAIMEYVLRGLSFLSIDLIFYTKN				
	ETVGNRLVGINRNRSTYATGTETIYGERGPTTKTLIPFESYKLSIVTDROVTP				
	SPPNPIYETINQETLYLNSPSNLTYSAGENSNDKKTDPFQPVKDCPIINPC				
	LPSNYSHTISQPSLFRYSKYKILANILYTGALGKTHSVNNMAISDITIMPA				
	IKGNSLDTPNSKVIIGPHTGSLVYLOSQGLRITCRPNSTOSITRLKRYTAGAGN				
	TLPNISLITPGVIGIPPORLNNTPSGNNYNLQYGDGEPFQPSITVTLPLRNIPFIR				
	NRADVNSIILIDIEFIPITSSVQRNREKQKLEITQIKINTPFTNHTKNTLIEATN				
	YDID"				

## ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 2235; DB 6; Length 2235;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3,7e-291;  
Matches 2235; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 GTGAATCAAAATTAATTAATGAATATGAGATTAATGCAATTCGAAAGAAATTTATCTTAATCCT 60  
DB 1 GTGAATCAAAATTAATTAATGAATATGAGATTAATGCAATTCGAAAGAAATTTATCTTAATCCT 60  
QY 61 TCTPACGAAAATATTTGATTCATTCAGATACCTTTACCAATATATCCAAATCAACCTTA 120  
DB 61 TCTPACGAAAATATTTGATTCATTCAGATACCTTTACCAATATATCCAAATCAACCTTA 120  
QY 121 CAAAACCAAAATTCAAAAGAGTGGCTCAATATGTCAAGGGAATACAAATATGTGAT 180  
DB 121 CAAAACCAAAATTCAAAAGAGTGGCTCAATATGTCAAGGGAATACAAATATGTGAT 180  
QY 181 AATTTGAGACATTTGCTAGTGTGATACAAATTCGCAATTCAGTTCAGAGTACTATTTGTA 240  
DB 181 AATTTGAGACATTTGCTAGTGTGATACAAATTCGCAATTCAGTTCAGAGTACTATTTGTA 240  
QY 241 TCGGGTACTCTGTAGCCGGATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATGGAATA 300  
DB 241 TCGGGTACTCTGTAGCCGGATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATGGAATA 300  
QY 301 ATAGGTCTATTAATTAATCTTTTGTGTACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGAGAA 360  
DB 301 ATAGGTCTATTAATTAATCTTTTGTGTACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGAGAA 360  
QY 361 CAAAGCAAAACAGATGAGACAAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420  
DB 361 CAAAGCAAAACAGATGAGACAAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420  
QY 421 TTACAGAAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAAAATTTA 480  
DB 421 TTACAGAAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAAAATTTA 480  
QY 481 CAAAGCTATTAATACAGCTATGATGATTTGAGAAAATTAAGAACTACAGCTCTGGA 540  
DB 481 CAAAGCTATTAATACAGCTATGATGATTTGAGAAAATTAAGAACTACAGCTCTGGA 540  
QY 541 TTACCAATCATCAGATTCACAAAGCTGCTTGACTTTAAATACGATTTGAGAT 600  
DB 541 TTACCAATCATCAGATTCACAAAGCTGCTTGACTTTAAATACGATTTGAGAT 600  
QY 601 GTTACCAATGATTTTATTCGGAATACCTGGTTCCAACTTGAACTTATTAAGCTGA 660  
DB 601 GTTACCAATGATTTTATTCGGAATACCTGGTTCCAACTTGAACTTATTAAGCTGA 660  
QY 661 TTACTACTATTTATGCGCAAGTGTCTAATTTCAATTAATTAATTAACAAGTGTCT 720  
DB 661 TTACTACTATTTATGCGCAAGTGTCTAATTTCAATTAATTAATTAACAAGTGTCT 720  
QY 721 GAATTTGCTGATGATGAGATGCAAGATATACATCTTCAAAATTTGAACTTAATGCTGA 780  
DB 721 GAATTTGCTGATGATGAGATGCAAGATATACATCTTCAAAATTTGAACTTAATGCTGA 780  
QY 781 ACATCAAGATGCTATTAATTAACCTTTTAAAGAAAATATACCTAATATATGATATTTGT 840  
DB 781 ACATCAAGATGCTATTAATTAACCTTTTAAAGAAAATATACCTAATATATGATATTTGT 840  
QY 841 GCAATATCTTATAGAGAAAGCTAAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATATGATATTTGT 900  
DB 841 GCAATATCTTATAGAGAAAGCTAAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATATGATATTTGT 900  
QY 901 ATATTTATGATTAATCGAAGATATATGATTAATCTGATTAATGATTAATGCTCAATTT 960  
DB 901 ATATTTATGATTAATCGAAGATATATGATTAATCTGATTAATGATTAATGCTCAATTT 960  
QY 961 TCTTTTATGATTAATAGAGATACAAAGATTCATTAATGAGAAATATGAGGATTTAAACT 1020  
DB 961 TCTTTTATGATTAATAGAGATACAAAGATTCATTAATGAGAAATATGAGGATTTAAACT 1020

QY 1021 GAACCTTACAGAGAAATTTATACACGTAATTAATTTTGAACGCTTAATCTTACCTGAA 1080  
DB 1021 GAACCTTACAGAGAAATTTATACACGTAATTAATTTTGAACGCTTAATCTTACCTGAA 1080  
QY 1081 ATTCAACCCATCTCGCTATATGAGATTAATTAATTAACAGTTCAGGGCTTAATTAATTT 1140  
DB 1081 ATTCAACCCATCTCGCTATATGAGATTAATTAATTAATTAACAGTTCAGGGCTTAATTAATTT 1140  
QY 1141 TCAATTTTATGATTAATTTTATTAACAAAAGAAACGTAACGGGAATCGTTAGTT 1200  
DB 1141 TCAATTTTATGATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1200  
QY 1201 GGTATTTGCAATGATTAATGATCTACTATATGCTACACAGAACTGAATATATATGGA 1260  
DB 1201 GGTATTTGCAATGATTAATGATCTACTATATGCTACACAGAACTGAATATATATGGA 1260  
QY 1261 GAAAGAACAGGTCCACCCACAAACAAACCTTTAATACATTTGATTCATAAGTTTCA 1320  
DB 1261 GAAAGAACAGGTCCACCCACAAACAAACCTTTAATACATTTGATTCATAAGTTTCA 1320  
QY 1321 AATTTGATGATGACAGATTAATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1380  
DB 1321 AATTTGATGATGACAGATTAATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1380  
QY 1381 AATCAATTTGAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440  
DB 1381 AATCAATTTGAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440  
QY 1441 GGGAAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1500  
DB 1441 GGGAAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1500  
QY 1501 AAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTC 1560  
DB 1501 AAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTC 1560  
QY 1561 CAGTTTCTTATTTATTAATTTATTCCTAATTAATTTGATTTAGCGCTTAATTAATTAATTA 1620  
DB 1561 CAGTTTCTTATTTATTAATTTATTCCTAATTAATTTGATTTAGCGCTTAATTAATTAATTA 1620  
QY 1621 GGTGATTTAGATGACACACAGTGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1680  
DB 1621 GGTGATTTAGATGACACACAGTGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1680  
QY 1681 ATTACAAATGATCCAGAAATCAAGGTAACAGTCTGATCAAACTTAAGTAATTTGAA 1740  
DB 1681 ATTACAAATGATCCAGAAATCAAGGTAACAGTCTGATCAAACTTAAGTAATTTGAA 1740  
QY 1741 GGAACCTGTCATACAGAGGAACTTGTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGTTTATGAGATT 1800  
DB 1741 GGAACCTGTCATACAGAGGAACTTGTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGTTTATGAGATT 1800  
QY 1801 ACATGTAAGATCTCTAATTTTACACATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860  
DB 1801 ACATGTAAGATCTCTAATTTTACACATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860  
QY 1861 GGTGCTGGAATACCTGCTCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1920  
DB 1861 GGTGCTGGAATACCTGCTCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1920  
QY 1921 CTTCAACGATCAACAACTTTTTCGTGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1980  
DB 1921 CTTCAACGATCAACAACTTTTTCGTGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1980  
QY 1981 TTTGGGTAATTTCAATTTTCAAGTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2040  
DB 1981 TTTGGGTAATTTCAATTTTCAAGTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2040  
QY 2041 ATATTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100  
DB 2041 ATATTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100

Qy 2101 CCAATTACTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAAAATAGAACTATCCAAACA 2160  
Db 2101 CCAATTACTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAAAATAGAACTATCCAAACA 2160  
Qy 2161 AAAATAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATATCTTAAATATGAGCCCAAAAC 2220  
Db 2161 AAAATAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATATCTTAAATATGAGCCCAAAAC 2220  
Qy 2221 TATGATATGATTA 2235  
Db 2221 TATGATATGATTA 2235

RESULT 2  
LOCUS CQ868309 2085 bp DNA linear PAT 13-SEP-2004  
DEFINITION Sequence 10 from Patent WO2004074462.  
ACCESSION CQ868309  
VERSION CQ868309.1 GI:5198355  
KEYWORDS  
SOURCE Bacillus thuringiensis  
ORGANISM Bacillus thuringiensis  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.

REFERENCE 1  
AUTHORS Carozzi, N., Hargiss, T., Koziel, M.G., Duck, N.B. and Carr, B.  
TITLE Delta-endotoxin genes and methods for their use  
JOURNAL Patent: WO 2004074462-A 10 02-SEP-2004;  
Athenix Corporation (US)  
FEATURES  
SOURCE Location/Qualifiers  
1. 2085  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="unassigned DNA"  
/db\_xref="taxon:1428"  
1. 2085  
/note="unassigned protein product"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/protein\_id="CAH3950.1"  
/db\_xref="GI:5198355"  
translation="MCCQNTQYGDNFETPASADITAAVSAGTIVSGTLAIGIGLTSI  
SGPIGILAIISFGTLITFMPAGEODKXTWTFPIKNGELFVDPPLPESIKOLLOT  
LEGFROILOSYNTALDDMRKLRLOAPLPSSALCOALATLTKIRFENVHNDPIREIP  
GFOETRYTLLPTIYAOANRHINILQGAELADEMDIHPSQLEPAAGSDDYIK  
LKENIPKTSNYCANTRYEGNLKRENPWMSFENDYRWITVLDTIAPPSFYDIK  
RYKDSIGRIGIKETLEIYTBELNPLTYLEIQPLAIMEVNLTSGLSPFLD  
ELIPYKNEYGNRLVGIANRRSTYATGTBEIYGERGTPTTKILIPSSYKSLV  
TDROYTPSPENSYFTINOIEIYLNPSNGLATYSAGNSLNDKTDPOFVKDC  
KPIINPCLPSYNSSHILISOFLSNYSYKGLANILLYTGALGWTSSVARNNAISD  
KIITMIPAIKNSLDNTSKVIEGPHGTGNNLVYLOSQRLEITCTCTPSTOSYIRLR  
YATNGAGTLEPNSILITPVGIGIPQRLNTPSGTNVNNLQGDGIVFQPSYVTLPL  
NRNIPFIENRADVSNISLIDKIEBIPITSSVRQNRQKLETTIOTKINTEFTMTKN  
TLNTEATYDID"

ORIGIN  
Query Match 93.3%; Score 2085; DB 6; Length 2085;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 5.4e-271;  
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 151 ATGTCTCAAGGGAATACCAATATGATGATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 210  
Db 1 ATGTCTCAAGGGAATACCAATATGATGATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 60  
Qy 211 ATGTCTCAAGGGAATACCAATATGATGATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 270  
Db 211 ATGTCTCAAGGGAATACCAATATGATGATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 60  
Qy 61 ATGTCTCAAGGGAATACCAATATGATGATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 120  
Db 61 ATGTCTCAAGGGAATACCAATATGATGATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 120  
Qy 271 CTCACCTTCTATTCGAGACGGAATAGAAATATAGTCTATATATCTTTGGTACC 330  
Db 271 CTCACCTTCTATTCGAGACGGAATAGAAATATAGTCTATATATCTTTGGTACC 330  
Qy 121 CTCACCTTCTATTCGAGACGGAATAGAAATATAGTCTATATATCTTTGGTACC 180  
Db 121 CTCACCTTCTATTCGAGACGGAATAGAAATATAGTCTATATATCTTTGGTACC 180  
Qy 331 CTATACCTGCTCTTTGGCCCGGAGAGAAACAAGACATATGACACAAATTTAT 390  
Db 331 CTATACCTGCTCTTTGGCCCGGAGAGAAACAAGACATATGACACAAATTTAT 390

Db 181 CTATACCTGCTCTTTGGCCCGGAGAGAAACAAGACATATGACACAAATTTAT 240  
Qy 391 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAGAAACATTAACAGTAAAGTA 450  
Db 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAGAAACATTAACAGTAAAGTA 300  
Qy 451 CAACTTTAGAGAGATTTAGCAAAATATTAAGAGCTATATATACAGATATGATGG 510  
Db 301 CAACTTTAGAGAGATTTAGCAAAATATTAAGAGCTATATATACAGATATGATGG 360  
Qy 511 AGAAATTTAAAGAGCTACAGAGCTCTGATTAACCAATCATGACATTAACAGAGCT 570  
Db 361 AGAAATTTAAAGAGCTACAGAGCTCTGATTAACCAATCATGACATTAACAGAGCT 420  
Qy 571 GCTTGAAGCTTTAAATATGATTTGAGAAATGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATGCT 630  
Db 421 GCTTGAAGCTTTAAATATGATTTGAGAAATGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATGCT 480  
Qy 631 GCTTGAAGCTTTAAATATGATTTGAGAAATGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATGCT 690  
Db 481 GCTTGAAGCTTTAAATATGATTTGAGAAATGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATGCT 540  
Qy 691 TTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGATGCTGATGAGATGAGATGAGATTA 750  
Db 541 TTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGATGCTGATGAGATGAGATGAGATTA 600  
Qy 751 CATCTTCACAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATGCTATTTAAATCTTTAA 810  
Db 601 CATCTTCACAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATGCTATTTAAATCTTTAA 660  
Qy 811 GAAATATATACCTTAATATGATTAATGATTAATGCTGGAACCTTAATGAGAGAGCTAAATTA 870  
Db 661 GAAATATATACCTTAATATGATTAATGATTAATGCTGGAACCTTAATGAGAGAGCTAAATTA 720  
Qy 871 CTTCGAAACGAACTTAATATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 930  
Db 721 CTTCGAAACGAACTTAATATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 780  
Qy 931 ATTAATCTGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 990  
Db 781 ATTAATCTGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 840  
Qy 991 TCATATGAGAAATATGAGAGGCTTAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 1050  
Db 841 TCATATGAGAAATATGAGAGGCTTAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 900  
Qy 1051 ATTAATTTGACCGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 1110  
Db 901 ATTAATTTGACCGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 960  
Qy 1111 AATTTAACAAGTTGACCGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 1170  
Db 961 AATTTAACAAGTTGACCGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 1020  
Qy 1171 AAAATGAAAGCTACCGGGAATCGTTAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1230  
Db 1021 AAAATGAAAGCTACCGGGAATCGTTAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080  
Qy 1231 GCTACGACGAGACGTAAT 1290  
Db 1081 GCTACGACGAGACGTAAT 1140  
Qy 1291 TTAATACATTTGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1350  
Db 1141 TTAATACATTTGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1200  
Qy 1351 TCCCTTTTCTTAACATTAATCTTTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1410  
Db 1201 TCCCTTTTCTTAACATTAATCTTTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1260  
Qy 1411 CTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1470  
Db 1261 CTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1320



```

Db      671  CTAATTTATGCGAAGCTGCTAAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGTAATGG 730
Qy      728  CTGAGTAATGCAATGCAATATATACATCCTTCACAATTTGAACCTAATGTGGAACATCAG 787
Db      731  CTGAGTAATGCAATGCAATATATACATCCTTCACAATTTGAACCTAATGTGGAACATCAG 790
Qy      768  ATGACATATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTTAATATATAGTACTTATGCAATA 847
Db      791  ATGACATATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTTAATATATAGTACTTATGCAATA 850
Qy      848  CCTATATGAGAAAGCAATAATAAATCTTCGAACGAACCTAATATATGATGAGATATATTA 907
Db      851  CCTATATGAGAAAGCAATAATAAATCTTCGAACGAACCTAATATATGATGAGATATATTA 910
Qy      908  ATGATATATGAAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 967
Db      911  ATGATATATGAAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 970
Qy      968  ATGATATATGAAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1021
Db      971  ATGATATATGAAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1030
Qy      1022  AACTTACAGAGAAATTTATATCACTGAAATTAATTTTGAACCGTCTTACTTACTTGA 1081
Db      1031  AACTCACAAGAGAAATTTATATCACTGAAATTAATTTTGAACCGTCTTACTTACTTGA 1090
Qy      1082  TTCAACCCCAATCTCGCTATATATGAAATTAATTTTAAACAGTTCAGGGCTTATATTTT 1141
Db      1091  TTCAACCCCAATCTCGCTATATATGAAATTAATTTTAAACAGTTCAGGGCTTATATTTT 1150
Qy      1142  CATTTTATGATGACCTTATATTTTATTAACAAAATAAGAAAGTAAAGGGAATGTTAGTTG 1201
Db      1151  CATTTTATGACCAATTTATTTTATTAACGAAATAACAAATTTCCGGAATGTTAGTTG 1210
Qy      1202  GTATTCGCAATGCTATATGATCTACTTATGCTACGACAGGAACCTAATATATATGAG 1261
Db      1211  GTATTTCTAATGCTATATGACCTACTTATATGCAATATATTAATCTGAAATTTATATGAG 1270
Qy      1282  AAAAGAACAGGTCACCCACACAACTTAAATACATTTGAATCTTAAAGTTTCA 1321
Db      1271  AAAAGAACAGGTCACCCACACAACTTAAATACATTTGAATCTTAAAGTTTCA 1330
Qy      1322  TTGTAACGATATGACAGTATCTCCGACCTCCCTTCCCTTCAACATATCTTCAATTA 1381
Db      1331  TTGTAACGATATGACAGTATCTCCGACCTCCCTTCCCTTCAACATATCTTCAATTA 1387
Qy      1382  ATCAATATGAACTTTATTTAAATTAATTCACCTAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1441
Db      1388  ATCAATATGAACTTTATTTAAATTAATTCACCTAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1447
Qy      1442  GGAATTTATCTATGATATTAATAAACAAGTATTTCAATTTCCCTGTAATAAAGACTGTA 1501
Db      1448  GGTCTTTATCTATATTAATTAATAAACAAGTATTTCAATTTCCCTGTAATAAAGACTGTA 1507
Qy      1502  AACCAATATATATCAAAATTTGTTTACCAAGCTATATATATGATGCTATATTTATCC 1561
Db      1508  ATCTATATATATATCAAGGTGTGTCCCAACCTTATATATCAATATATTTATTTATCC 1567
Qy      1562  AGTTTTCCTTATTTATTTATTTCTTATTAATAATTTGAATTAAGGCTTAATATATATACAG 1621
Db      1568  ATTTTTCCTTATTTATTTATTTCTTATTTATTTGATTTGAATTAAGGCTTAATATATACAG 1627
Qy      1622  GTGCAATGAGATGACACACAGTATGTTTAAATGAAATATATGCAATATCAATTAATAATA 1681
Db      1628  GTGCAATGAGATGACACACAGTATGTTTAAATGAAATATATGCAATATCAATTAATAATA 1687
Qy      1682  TTACATATGATCCCAAGCAATCAAAAGTATCAAGTCTTGATCAAACTTAAAGTATATGAAG 1741
Db      1688  TTACATATGATCCCAAGCAATCAAAAGTATCAAGTCTTGATCAAACTTAAAGTATATGAAG 1747
Qy      1742  GACCTGTGATATCAAGAGGAAATCTTGTTATTTATTAACAAAGCAAGGCGCTTAAAGATTA 1801
Db      1748  GACCTGTGATATCAAGAGGAAATCTTGTTATTTATTAACAAAGCAAGGCGCTTAAAGATTA 1807

```

```

Qy      1802  CATGTGAAGCTCTTAATTTCTACACAATCTTATTTATCATTTAGACTTGATACGCTACAAATG 1861
Db      1808  CATGTGAAGCTCTTAATTTCTACACAATCTTATTTATTTAGACTTGATACGCTACAAATG 1867
Qy      1862  GTGCTGAAATATCTCTCTATATATATCTTTTACAAATACAGAGTAAATAGGAATACAC 1921
Db      1868  GTGCTGAAATATCTCTCTATATATATCTTTTACAAATACAGAGTAAATAGGAATACAC 1927
Qy      1922  CTCAACGACTCAACAACCTTTTCTGCTACCAATTAATTAATTTTACAAATACGAGATT 1981
Db      1928  CTCAACGACTCAACAACCTTTTCTGCTACCAATTAATTAATTTTACAAATACGAGATT 1987
Qy      1982  TTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTATACCTTAAATGAAACATACATTTA 2041
Db      1988  TTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTATACCTTAAATGAAACATACATTTA 2047
Qy      2042  TATTTAATCTGACAGATGATATCAATTTCAATTTTATGATGATTAATTTATATAC 2101
Db      2048  TATTTAATCTGACAGATGATATCAATTTCAATTTTATGATGATTAATTTATATAC 2107
Qy      2102  CAATTAATCTCTCTGCTACGCAAAATAGAGAAAAAATTTAGAAATCTATCCAAACA 2161
Db      2108  CAATTAATCTCTCTGCTACGCAAAATAGAGAAAAAATTTAGAAATCTATCCAAACA 2167
Qy      2162  AAATTAATCAATTTTTCACAAATCAATCAACAAAATACCTTA 2202
Db      2168  AAATTAATCAATTTTTCACAAATCAATCAACAAAATACCTTA 2208

RESULT 4
BTTOXD1 3543 bp DNA linear BCT 18-APR-2005
LOCUS Bacillus thuringiensis gene for 130 kDa delta-endotoxin.
DEFINITION Y00423.1 GI:40351
VERSION Y00423.1 GI:40351
KEYWORDS delta-endotoxin; endotoxin.
SOURCE Bacillus thuringiensis
ORGANISM Bacillus thuringiensis
REFERENCE 1 (bases 1 to 3543)
AUTHORS Ward E.S. and Ellar D.J.
TITLE Nucleotide sequence of a Bacillus thuringiensis var. israelensis
JOURNAL Nucleic Acids Res. 15 (17), 7195 (1987)
PUBMED 2821500
REFERENCE 2 (bases 1 to 3543)
AUTHORS Ward E.S.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (11-MAY-1987) Ward E.S., University of Cambridge,
Department of Biochemistry, University of Cambridge, Tennis Court
Rd., Cambridge CB2 1QW
*strain= var. israelensis;
COMMENT Data kindly reviewed (12-JAN-1988) by Ward E.S.
FEATURES
source
CDS
1..3543
note="unnamed protein product; endotoxin (AA 1-1180)"
/codon_start=1
/translation_table=11
/protein_id="CA68485.1"
/db_xref="GI:40352"
/db_xref="GOA:P16480"
/db_xref="UniProt/Swiss-Prot:P16480"
/translation="NP009086.1:1-3543"
/keywords="Bacillus thuringiensis"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:1428"
1..3543

```







QY 671 TTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTATTAACAAGAGTGTGAATTTGGCTG 730  
 Db 1018 GTTATGCAACAGAGCAAACTTACCTGACGTATTAATCAAGCCGCTCAAAATTTGGAAG 1077  
 QY 731 ATGATGGAATGCAATATACATCCTTCACAAATTTGAACCTTAAGTGTGAACATCAGATG 790  
 Db 1078 CGTATTTAAAAACAATGCAAAATTCGATTTATTTAGAGCCCTTGCC--AACAGCAATGG 1134  
 QY 791 ACTATTTAACTTTTAAAGAAAATATACCTAAATATAGTAACTATTTGCAAAATCT 850  
 Db 1135 ATATATATCCAGTATTTGACTAAAGCTATAGAAAGATTAACATATATTTGTGTAACAATT 1194  
 QY 851 ATGAGAAGACTTAATTAACCTTGGAACGAACCTAATATAGATGAGATATTTAATG 910  
 Db 1195 ATAAAAAGGATTTAAATTTAAATTTAAACGAGCCCTGATAGTAAATCTTGATGAAATATAA 1254  
 QY 911 ATATACGAAGATATATGCTATTTACTGTATTAATGATACATGCTCAATTTCTTTTATG 970  
 Db 1255 ACTGGAACACATACATATGATGACAGACAAAATGACTGCTGTATTAATCTTGCTG 1314  
 QY 971 ATATTAAGAGATTAACAAGATTCATATAGAGAAATAGTGTGATTTAAACCTGAACCTAA 1030  
 Db 1315 CACTCTTCTTAATATGATGATAGGTAAATATCCAAATAGTGTCCAATCTGAACCTTATCTC 1374  
 QY 1031 GAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTTGACCGCTTATCTTACCTTGAATTCACCCA 1090  
 Db 1375 GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACTTCGAAAGAACCCCTATTAATATTTATGAC 1427  
 QY 1091 ATCTGCTAATAGGAATATATATTTAACAAGTTCAGGGCTAGATTTATTTTCATTTTATG 1150  
 Db 1428 TTTCAATATCAAGAGATTCCTTACAGTACGACGCAATTTATTTACTGCTTGATTTCT 1487  
 QY 1151 ATGAACCTTATTTTATCAAAAAATGAAGCTACGGAAATCGTTAGTGTATTTGCGCA 1210  
 Db 1488 TTGAATTTTATGAAAAAGCCAAACCTACTATATATTTTTCACAGCACTTATATAT 1547  
 QY 1211 ATCTGATATGATCTTACT-ATGCTACAGACAGAACTGAATTTATATATGAGAAAAACA 1269  
 Db 1548 ATGTTTCAATACACTGATATATATATCCAAAATCTAGTGTTTTGGAAATCACAAAT 1607  
 QY 1270 GGTCACCCACACAAAACCTTTATATACATTTGAATCTTAAAGTTTCAATTTGTAAT 1329  
 Db 1608 GTAACTGATTAATTAATTTCTTGGTTGGCAACAATATTTATTTTATTTAAT 1667  
 QY 1330 GATAGACAAGTACTCTACTCTCCCTTTCTTAACATATATCTTACATTTATCAAAAT 1389  
 Db 1668 GTCAATAGCTTAAGATTAATTAATATCTAATATATATATATATATAGTAAATGGAATTT 1727  
 QY 1390 GAACCTTATTTAATTAATTCCTAGTATATTAATTAATTAATTCAGCTGGGGGAATTTA 1449  
 Db 1728 TTTATTACTAATGATCTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGCAGATCTGGGCAATA 1787  
 QY 1450 TCTATGATTAAAAAACAACGATTTTCAATTTCCGTAAAAAAAGACTGTAAACCAAT 1509  
 Db 1788 ACTTATGATGTAATTAATTAATTAATTTTCGGGTATCCAAATCTTAAACGAAGAGAAATCA 1847  
 QY 1510 ATTATCCAAATTTGTTTACCAAGCTATATATAGTATATTTATTTTATTTTCCAGTTTCT 1569  
 Db 1848 GGAACACCTACCTTTTCCAAACATATGATTAATCTATATTTTATTTATTTATTTAA 1907  
 QY 1570 TTTATTTAATTTCTCTAATTAATTTGATTAAGCGCTAAATATATATATATACAGTGA 1629  
 Db 1908 AGCTTATATATCC-----TGCACATATTAACCAAGTGTATATACGTTT 1952  
 QY 1630 GGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATAGCAATATGCAATTAATTAATCAATG 1669  
 Db 1953 GCTTGACACACTGATGTTGATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2012  
 QY 1690 ATCCAGCAATCAAGTATACAGTCTTATCAAACTCTAAGTATTTGAAGACCTGCT 1749  
 Db 2013 ATTCAGCTGTAAAGCAATTCACCTTGGAATCTGCTTTAAGTGTTCAGAGACCTGCT 2072  
 QY 1750 CATACAGAGAAACTGCTTTATTTATCAAAAGTCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGA 1809

Db 2073 CATACAGAGAGGATTTAAATTTGATTTCAAGATCA-----TTTCAAAATTAATGACAA 2126  
 QY 1810 ACTGCTAATCTTACAAATCTTATTTACATTAAGCTTGATACGCTCAATTTGGCTGGA 1869  
 Db 2127 CACTCAATTTTCAACATATGATTTTATTAAGATTTGTTATGCTTCAAAATGGAAGGCA 2186  
 QY 1870 AATACCTTCTAATATATATCTTATTAACATACAGAGTAAATAGAAATACCACTCAACGA 1929  
 Db 2187 AATACCTGACCTGTTAATTAATCTTATGATCCAGGGG---TAGAGAACTGGGATAGCA 2243  
 QY 1930 CTCAACACACTTTTCTGCTGACAAATTAATTAATTTAACAATACGAGATTTTGGGTAT 1989  
 Db 2244 CTCAACCCCACTTTTCTGCTGACAAATTAACAAATTTAAATTAAGATTTTCAGTAC 2303  
 QY 1990 TTCCAAATTTCCAGTACAGTATACCTTAAATTTGAACAAATACATTTATTTAT 2049  
 Db 2304 TTGAATTTTCTAACAGAGTAAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTTGTTGTTAAT 2363  
 QY 2050 CGTGCAGATGAT---CAAAATTCATTTTATGATGATTAATTAATTTATACCAAT 2106  
 Db 2364 CGTTGGAATGATATATACAAACACAGACTTATGATTAATTTGATTTCTGCAAT 2423  
 QY 2107 ACTTCTCTGTAGGCCAAATTAAGAAAAACAAATTTAGAACTATCCAAACAAATA 2166  
 Db 2424 ACTGTTCTTAAGAGAGATGATGAGAAACAAAAATTTAGAAAACATTAACAAATTAAT 2483  
 QY 2167 AATCAATTTTCCAAATTCATACAAAATATCTTAAATATAGAGCCACAACTATGAT 2226  
 Db 2484 AATCAATTTTATGCAAAATCTTATTAATTAACAACTTTACATCAGATTAATGAT 2543  
 QY 2227 ATGATTTAA 2235  
 Db 2544 ATGATCA 2552

RESULT 6  
 LOCUS 108083 4451 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994  
 DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0296870.  
 ACCESSION 108083  
 VERSION 108083.1 GI:589204  
 KEYWORDS  
 SOURCE Unknown.  
 ORGANISM Unknown.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 4451)  
 AUTHORS Ellar,D.J. and Ward,E.S.  
 TITLE New toxin-encoding DNA fragments from *Bacillus thuringiensis*  
 JOURNAL subsp. *israelensis*  
 FEATURES Patent: EP 0296870-A1 1 28-DEC-1988;  
 location/Qualifiers  
 source 1..4451  
 /organism="unknown"  
 /mol\_type="unassigned DNA"

ORIGIN  
 Query Match 17.2%; Score 384.6; DB 6; Length 4451;  
 Best Local Similarity 52.8%; Pred. No. 1,1e-42;  
 Matches 1178; Conservative 0; Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;

Db 12 TAATATATATGATATGAGATTTATCGATTCAAAGATTTATCTTATCTTACAGAAA 71  
 Db 899 TTATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 958  
 QY 72 TATGATCATCTTAGATTAACCTTACACAAATTAATTCAAATCAATTAACAAACACAAA 131  
 Db 959 TAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1018  
 QY 132 TTCAAGAGAGGCTCAATATGCTCAAGGAATTAACCAATATGATGATTAATTTGAGAC 191  
 Db 1019 TTATTAAGATTTGCTCAATATATGCTCAACAGAAATCAGAGTATGAGATTTTGAAC 1078

Qy	192	ATTTGCTAGTGTGATCAAAATTCGCGAGTTAGTGCAGATGCTATGTGATCCGATCT	251
Db	1079	TTTTATTAT-----AGTGGTAACTCAGTGCCTATATCTATGTAGTTGGACCGT	1129
Qy	252	GTTAGCCGGTTAGTGGGCTCACTTCTATATCCGAGCCGATAGGAATATAGGTCAT	311
Db	1130	ACTGACTGGT-----TTGGGTTCACACACCTTAGACTTGC	1168
Qy	312	AATATATCTTTTGGTACCTTAATCATCTCTTTTGGCCCGGGAGAACACAAAC	371
Db	1169	TTTTATAGTTTTGGTACATTAATTCAGTCTCTTTTCCAGCCCAAGCAATCTAAC	1228
Qy	372	AGTATGACAAATTTATTAANAAGGAGAAATTTTGTATACACCGTTAAC-GAA	430
Db	1229	---ATGGGTACTTTATTAACAACTPAANAATTTATTAANAAGAAATAGCATCAAC	1285
Qy	431	GCATPAAACAGCTAAAGTTAACAACTTTAGAGAGATTTAGCAATATTTACAAAGCTATA	490
Db	1286	ATATATATAGTATGTATATAAATTTTAAACAGTGGTTATGTATCAGCATTTATCA	1345
Qy	491	ATPACAGCTTAGATGATTGGAGAAATTTAAAGACTAACGCTTCGATTAACACCAT	550
Db	1346	TATTCACCTTAAACATGGAGAAATATCCAAACCAAAATATCTCAGATGTAAAGA-	1404
Qy	551	CATCAGCTTTACACACAGCTGCCCTGACTCTTAAATACGATTTGAGATTTCAATG	610
Db	1405	---CACAATCCAGCTAGTTCAATTAACATTTTCAAAATGTCAATTCAGAGCTTGAAC	1461
Qy	611	ATTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACTTATPAACGCTATTACTACCTA	670
Db	1462	CTTGCTCTCTTAATCTTACTGATTC-----GATTACTATTAACATTAAGTATTAATTA	1515
Qy	671	TTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCTATTAAATTTATTAACAAGGTCGAAATGGCTG	730
Db	1516	GTTATGACAAAGCAGCAACTTAATCATCTGACGTATTTAAATCAAGCCGTCAAATTTGAG	1575
Qy	731	ATGAATGAAATGCAATATACATCTCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGAACATCAGATG	790
Db	1576	CGTATTTTAAAAAACAATGACAAATTCGATTTATTGAGCCTTTGCC--AACAGCAATG	1632
Qy	791	ACTATTTAATTAACCTTTAABAAGAAAATATACCTAATATATAGTATGTCGCAATACCT	850
Db	1633	ATTATATCCAGTATGCTAAAGCTATAGAGATTTACCTAATTAATGTGTAAACACTT	1692
Qy	851	ATPAGAGAGACTAAATTAACCTTCGAAACGAACCTAATATAGATGAGTATATTAATG	910
Db	1693	ATPAANAAGATTAATTTAATTAABAAGAGCCGTAATAGTATCTGATGAATATATA	1753
Qy	911	ATTATCGAATATATGACTATTAATCTGATTAATGATTAATGCTCAATTTCTTTATAG	970
Db	1753	ACTGAAACACATCAATCTATCGAACAAANAATGACTACGCTGATTAATGATGTTG	1812
Qy	971	ATATPAAGATPACAAAGATTCANAGAAAGATGTTGGCATTTAACTGAACCTTACA	1030
Db	1813	CACCTTTTCTAATATATGATGATAGTAATATCCAAATAGGTGTCCAAATCTGAACCTTAC	1872
Qy	1031	GAGAAATTTATACAAGTAAATTAATTTTGACCGTCTACTTACCTTGAAATTCACCCA	1090
Db	1873	GAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTCGAAGAAAGCCCTAATTAATTTATAC	1925
Qy	1091	ATCTGCTATATAGGAATATATTTTAAACGTTCAAGGCTTAGATTAATTTTCATTTTATG	1156
Db	1926	TTTCAATATCAAGAGATTCACTTCACTGATGACCGCAATTAATTACTTGGCTTCAATCT	1985
Qy	1151	ATGAACCTATATTTTATACAAAATATGAACGTACGGGAATCGTTAATGTGTATTTGGGA	1210
Db	1986	TTGAATTTTATGAAAAGCGCAACTCTCTTAATTAATTTTTCACAGCCATTAAT	2045
Qy	1211	ATCGTAATAGATCTACT-ATGCTACGACAGGACTGAATTAATATATGAGAAAGACA	1265
Db	2046	ATGTTTCAATACACCTGATATATATATCCAAAATCTAGTGTTTTTGGAAATACAAAT	2105
Qy	1270	GGTCCACCCACAAACAACTTAAATACCAATTTGAATCCATTAAGTTCAATGTAACT	1325

Db	12106	GTAACTGATAAATTAAAAATCTCTGGTTGGCAACAAATATTATATTTTATTATAT	21655
Qy	1330	GATAGACAGTAACTCTCACTTCCCTTTTCCTAACATATACATTATATCAAAAT	13895
Db	2166	GTCAATACCTTAGATTAATTAATATATCAATATGATTATATAATATATAGTAAATGGAATTTT	22225
Qy	1330	GAACTTATTTAAATATATCCCTAGATATATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTA	14449
Db	2226	TTTATTAATTAATGAGTACAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGAGAGATCTGGCCAAATA	22895
Qy	1450	TCTATGATGTAATAAAACAACTGATTTTCAATTTCTCTGTAAAAAAGACTGTAAACAAAT	15099
Db	2286	ACTTATGATGTAAATTAATAATATTTTGGGTTACCAATTTCTTAACGAGAGAAATCA	23454
Qy	1510	ATTATCCAAATTTGTTTACCAAGCTATATATAGTATATGTCATATTTTATCCAGATTTTCT	15659
Db	2346	GGAACCTTACCTTTTCCAAACATATGATATCATATGTCATATTTATATATTAATAA	24055
Qy	1570	TTATTTAATTAATTCCTATAAAAATGGAATAGCGCTAAATATATATATACAGTGACATTA	16299
Db	2406	AGCTTATGATATCC-----TGCAACATATAAACCTCAAGTATATACGTTT	24509
Qy	1630	GGATGGAACACAGATGTATATATGAATATACATATACATATATATATATATATATG	16689
Db	2451	GCTTGGACACCTCATGTGTATCTTAAATATCAATTTATACATTTATATACCCAA	25109
Qy	1690	ATCCACAGAAATCAAAAGGTAAACATCTTGATCTCAAACTTAAGTAAATTTGAAGACCTGGT	17499
Db	2511	ATTCCAGCTGTAAAGCAATTCATCTTGGAGCTGCTTAAAGTTGTTTCAAGAGACCTGGT	25709
Qy	1750	CATACAGAGGAAACTTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGGCTTTAGAGATTATACATTTAGA	18099
Db	2571	CATACAGAGGGAGTTTATATGATTTCAAAATCA-----TTTCAAAATATACATGTCAA	26249
Qy	1810	ACTCTTAATTTCAACAAATCTTATATACATTTAGACTTGATACGCTACAAATATGGTCTGGA	18669
Db	2625	CACCTCAATTTTCAACATCGTATTTTATAGAAATCGTTATGCTTCAAAATGAGAACCCA	26849
Qy	1870	AATATCTCTCTAAATATATCTCTTAACAATAACAGAGATATAGGAATATCCACTCAACGA	19229
Db	2685	AATATCTGAGCTGTATTAATCTTAATCTTATCCAGGGG---TAGCAAACTGGGTATGCGCA	27419
Qy	1930	CTCAACAACTTTTCTGTGTACAAATTAATTAATTTTACAAATACGAGATTTTGGGTAT	19889
Db	2742	CTCAACCCCACTTTTCTGTGTACAGATTAACGATTTTAAATATTAAGATTTTCAAGTAC	28019
Qy	1990	TTCCAAATTTCAAGTACATTAACATTTACCTTTAAATGAAACATATCCATTTATATTTAT	20499
Db	2802	TTAGAAATTTTCAACGAGTAAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTTGTGTATAT	28619
Qy	2050	CGTGCAGATGTAT---CAAAATCAATTTTATATCAATTTGATTAATTTGAATTTATATCAAT	21069
Db	2862	CGTTGCGATGTATATACAAACACACAGTACTTATTTGATTAATTTGAATTTTCTGCAAT	29229
Qy	2107	ACTTCTCTGTACGCAAAATAGAGAAACAAAAATTTAGAACTATCCAAACAAATAA	21669
Db	2922	ACTGCTTCTTAATAGAGAGATAGAGAGAAAACAAAATTTAGAAACAGTACAAATATAT	29819
Qy	2167	AATACATTTTCACAATCATACAAAATAATCTTTAAATATAGAGCAAACTATGAT	22289
Db	2982	AATACATTTTATGCAAAATCTTATAAAAACCTTTACATATCAGAACTTACAGATTAATAC	30419
Qy	2227	ATTGATTTA 2235	
Db	3042	ATTAGTCAA 3050	

RESULT 7			
109103			
LOCUS	109103	4451 bp	DNA
DEFINITION	Sequence 1 from Patent WO 8810305.		linear
ACCESSION	109103		PAT 02-DEC-1994





Qy	1151	ATGAACCTTAATTTTATTAACAAAAGAAAGCAAGTACGGGAATCGTTACTGTGGTAATGGCA	1210
Db	2464	TTGAAATTTTATGAAAAGCGCAACTACTCTTAATATTTTTCACAGCCATTATAT	2523
Qy	1211	ATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACGAGACTGAATTAATATATGAGAAAGACA	1269
Db	2524	ATGTTTCATTACGACTTGATATATATATCCAAAATATCTAGTGTTTGGAAATCAGAT	2583
Qy	1270	GGTCCACCCACAACAAAAATTTAATCAATTGAATCCATTAAGTTTCAATTGTA	1329
Db	2584	GTAACTGATAAATTAATAATCTCTGGTTGGCAACAATAATTAATTTTATTAAT	2643
Qy	1330	GATGACAGGTAACTCCTACTTCCCTTTTCTTACATATATCTTACAAATTATCAAT	1389
Db	2644	GTCTATAGCTTGATATATTAATATCTAAATGATATTAATTAATTAATGTAATGATTT	2703
Qy	1390	GAACTTAATTAATTAATTAATCAGCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGCAAT	1449
Db	2704	TTTATTAACATAAGTACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACGACGAGATCTGGGAAATA	2763
Qy	1450	TCTAATGATTAATAAAACAATGATTTTCAATTTCTCTGTAATAAAAGACTGTAAACA	1509
Db	2764	ACTTAATGATTAATTAATAATATTTTCCGGGTACCAATTTCTTAACGAGAGAGATCA	2823
Qy	1510	ATTAATCCAAATGTGTTACAGCTATATATGTAATAGCATATTTATCCAGTTTCT	1569
Db	2824	GGAAACCTTACCTTTTCCACATATGTAATCATATAGCATATTTTATCTTAATTA	2883
Qy	1570	TTATTTAATTAATTCCTATTAATAATGGATGAGGCTAAATATATATATACAGTGCAT	1629
Db	2884	AGCTTAGTATCCC-----TGCACATATTAACCTCAAGTATATACGTTT	2928
Qy	1630	GGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATTAATGCATATCAGATTAATAATTAATCA	1689
Db	2929	GCTTGGACACACTCTAGTGTGATCTTAATAATATACATTTATACATTTATACCCA	2988
Qy	1690	ATCCGAGCATCAAAAGTAAAGTCACTTGTATCAAACTCAGAGTATGAGAGACTGT	1749
Db	2989	ATTCACGCTGTAAACGCAATTCACCTTGGACCTGCTCTAAAGTGTTCAGAGACTGT	3048
Qy	1750	CATACAGAGAAACCTTGTTATTATTAACAAGTCAAGGGCGTTTAGAGTATACATGTA	1809
Db	3049	CATACAGAGGGATTAATGATTTTCAAGATCA-----TTTCAAAATTCATGTCA	3102
Qy	1810	ACTCTAATTTCAACAAATCTTATTAATTAAGTCTCGATACGCTACAAATGTGTCTGA	1869
Db	3103	CACCTAAATTTCAACAAATCGATTTTATTAAGAAATTCGTATACGTTCAAAATGAAAG	3162
Qy	1870	AATATCTTCTTAATATATCTCTTACATACAGAGATATGAAATACACTTCACGA	1929
Db	3163	AATATCTCGAGTGTATTAATCTTACTATCCAGGGG--TGCAGAACTGGGTATGCGA	3219
Qy	1930	CTCAACAACCTTTTCTGGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1989
Db	3220	CTCAACCCACTTTTCTGGTACATTAATAGAAATTAATAATTAATTAATTAATTAAT	3279
Qy	1990	TTTCAATTTTCAAGTACAGTAACTTAACTTTAAATCGAAACATACCAATTAATTAAT	2049
Db	3280	TTTGAATTTTCTTAACAGGTGAATTTGCTCCAAATCAAAAATATCTCTGTGTATAT	3339
Qy	2050	CGTGCAGATGAT--CAATTCATTTTAATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAAT	2106
Db	3340	CGTTGCGATGTATATCAACACACAGATCTTATGTAATAATTTGAATTTCTGCAAT	3399
Qy	2107	ACTTCGCTGTAGCCAAATAGAGAAATTAAGAAATTAAGAAATTAAGAAATTAATTA	2166
Db	3400	ACTCGTTCTATTAAGAGGTATAGAGAAACAAAATTAAGAAACGTATCAACAAATAT	3459
Qy	2167	AATACATTTTTCACAATCATACAAAATATCTTTAAATATAGAGACCAACATATGAT	2226
Db	3460	AATACATTTTATGCAATCTCTAATAAAAAACCTTTTCAATCGAACTTACAGATTAAT	3519
Qy	2227	ATTGATTTAA	2235

Db	3520	ATGATCA	3528
RESULT 9			
LOCUS	BPBPTOXIS	127923 bp	DNA linear BCT 16-Apr-2005
DEFINITION	Bacillus thuringiensis subsp. israelensis plasmid pBtoxis.		
ACCESSION	AL731825		
VERSION	AL731825.1	GI:21685410	
KEYWORDS			
SOURCE			
ORGANISM	Bacillus thuringiensis serovar israelensis		
	Bacillus thuringiensis serovar israelensis		
	Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus		
	cereus group.		
REFERENCE	1 (bases 1 to 127923)		
AUTHORS	Berry,C., O'Neill,S., Ben-Dov,E., Jones,A.E., Murphy,L., Quail,M.A.,		
	Holden,M.T., Harris,D., Zaritsky,A. and Parkhill,J.		
	Complete sequence and organization of pBtoxis, the toxin-coding		
	plasmid of Bacillus thuringiensis subsp. israelensis		
JOURNAL	Appl. Environ. Microbiol. 68 (10), 5082-5095 (2002)		
PUBMED	12324359		
REFERENCE	2 (bases 1 to 127923)		
AUTHORS	Parkhill,J.		
TITLE	Direct Submission		
	Submitted (19-APR-2002) Submitted on behalf of the pBtoxis		
	sequencing team, Sanger Centre, Wellcome Trust Genome Campus,		
	Hinxton, Cambridge CB10 1SA E-mail: parkhill@sanger.ac.uk		
NOTES:	Details of pBtoxis sequencing at the Sanger Centre are available on		
	the World Wide Web.		
	(URL, <a href="http://www.sanger.ac.uk/Projects/B_thuringiensis/">http://www.sanger.ac.uk/Projects/B_thuringiensis/</a> ).		
COMMENT			
FEATURES			
source	Location/Qualifiers		
	1..127923		
	/organism="Bacillus thuringiensis serovar israelensis"		
	/mol_type="genomic DNA"		
	/db_xref="taxon:1430"		
	/note="plasmid pBtoxis"		
RBS	1145..1149		
gene	1163..2089		
	/gene="pBc001"		
CDS	1163..2089		
	/gene="pBc001"		
	/note="Similar in part to Bacillus anthracis pxo1-49		
	TR:09X319 (EMBL:AF065404) (227 aa) fasta scores: E():		
	8..9e-44, 78.48% id in 158 aa"		
	/codon_start=1		
	/transl_table=1		
	/protein_id="CAD30064.1"		
	/db_xref="GI:21685411"		
	/db_xref="UniProt/TREMBL:O8KXN5"		
	/translation="MSTHINFSQONPFVHGKVFPGDGLFNIIKLENERKEKLSALATY		
	IMAHRENDICGLPREQINDLAKSGIPYTTVTPGVNLEKRLVREIPVGRTVYE		
	IVDYALNRTAETDMINISLSYFRPLFIOTTTISLVKARDNGVITLLIELINT		
	FSRRIGNEHKHIDEITRKMAFLKEKINRAKVKVQYIEIVKPLENAVDLKKDK		
	SSSERITIRVRQVQVIEIKFNFISSNCYIENDKELHPIAKCRKAAVSRLKHMGQ		
	ALRKDKENIMTAFRQIVDIEIYLPYKQKN"		
	2246..33106		
	/note="IS240"		
	complement(2246..2262)		
	/rpt_type=INVERTED		
repeat_unit	2337..3044		
gene	/gene="pBc003"		
	2337..3044		
CDS	/gene="pBc003"		
	/note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element		
	IS240-e protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta		
	scores: E(): 2.2e-92, 99.57% id in 235 aa, and to		
	Mycobacterium fortuitum, transposase tmp tnp6100 TR:Q49185		
	(EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E(): 1.4e-37, 48.05%		
	id in 231 aa"		
	/codon_start=1		
	/transl_table=1		







Qy	132	TTACAAAGAGGCGCATATGTGCAAGGGAATACAAATAGGTGTAATTTGCAAC	191
Db	96400	TTATPAAAGATTGGCTCAATATGTGCAACAGATACGATAGTGTGAGATTTTGAAC	963411
Qy	192	ATTGTAGTGCCTGATACAAATTGCGCAGTTAGTACAGTACTATTGTATCCGTACT	251
Db	96340	TTTTATTGAT-----AGTGGAACTCAGTCCCTATCTATTGTATAGTTGGACCGT	96290
Qy	252	GTTTAGCCGGTAATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATAGGAATATAGTGTAT	311
Db	96289	ACTACTAGGT-----TTGGGTTTCAACAACACCTTAGACTTGC	96251
Qy	312	AATATATCTTTTGGTACCTTAATACGTCTTTTGGCCCGGGAGAACAAAGACAAAC	371
Db	96250	TTTATATAGTTTGGTACATTAAATACAGTCTTTTTCACGCCAAGACCAATCTAAC	96191
Qy	372	AGATGACCAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGTATCAGCGTTAAC-GAA	430
Db	96190	---ATGAGTGACTTTATPACAAACTPAAATTTTATPAAAAAGAAATGACTCAAC	96134
Qy	431	GCATPAAACAGCTPAAAGTTACAACTTTAGAGATTAGCAAAATTTACAAAGCTATA	490
Db	96133	ATATATATAGTATGCTAATTAATTTTAAACAGTGCCTTATATGTATACAGACTTATCA	96074
Qy	491	ATACAGACTTATGATTTGAGAAATTTAAAGACTACAGCTCTGTGATTACACCAT	550
Db	96073	TAAATCACTTAAACATGGAGAAATTAATCCACCAAAATATCTCAGAGATGATAGA-	96015
Qy	551	CATCAGACTTACAAACAAGCTGCTGACTCTTAAATATGATTTGAGATGTTCAATG	610
Db	96014	---CACAAATCCAGTATGTTCAATTCATTTTCAAAATGTCTTCCAGAGCTTGTAACT	95958
Qy	611	ATTTTATTCGAATATACCTGTGTTTCCAATTGAACCTTATTAACGCTATTACTACTA	670
Db	95957	CTTGTCTCTTAATCTAGTATGTC-----GATTACTATPACATACATGATATTATCA	95904
Qy	671	TTTATGCCAGCTGCTAATTTTCTTTTAAATTTTATPACAAAGTGTGAATGGCTG	730
Db	95903	GTATATGCAACAGCAACCAATTCATCTGATGTATTAATTAACCCGTCAAAATTTGAG	95844
Qy	731	ATGATGGAATGACGATATACATCTTTCACAAATGGAACCTTAATCTGGAACATCAGATG	790
Db	95843	CGTATTTAAAAACAATGACAAATTCGATATTTAGAGCTTTGGC--AACAGCAATG	95787
Qy	791	ACTATATPAACTTTTAAAGAAATATATCTTAAATATAGTACTATTTGTGCAATACCT	850
Db	95786	ATTATATCCAGTATGACTTAAAGCTATAGAGATTACATCTAATTTATGTGTACAACTT	95727
Qy	851	ATAGAGAGGACTAATTAATCTGCAAAAGCACTTAATATGATGAGATATTTAATG	910
Db	95726	ATPAAAAAGGATTAATTAATTAATPAAAAAGACGCTGATAGTATCTTGATGAAAAATTA	95667
Qy	911	ATTATCGAAGATATATGACTATTAATGATTAATGATATGCTCAATTTTCTTTTATG	970
Db	95666	ACTGGAACATTCATATCGTATGCAACAAATATGACTGCTGTATTTAGTCTTGTG	95607
Qy	971	ATATPAAAGATACAAAGATTCATAGGAAGATAGTGGCACTTAAAACTGAACCTTACA	1030
Db	95606	CAGCTTTCCATATATGATGTAGTAATATCCAAATGATGCCATCTGAACCTTAC	9547
Qy	1031	GAGAAATTTATPACACTGAATAAATTTTGAACGCTTCTTACTTGAATTTCAACCA	1090
Db	95546	GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACTTGAAGAAAGCCCTATTAATATATGAC	95494
Qy	1091	ATTCGCTATATGGAATATATATTAATTAACGTTCAAGGCTTATGATTTTCAATTTTATG	1150
Db	95493	TTTCAATATCAAGAGATTTCACTTACGTTAGCCGCAATTATTTACTTGGCTTATCT	95434
Qy	1151	ATGAATCTTATATTTTATCAAAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTAGTTGTATTTGCGA	1210
Db	95433	TTGATTTTTTATGAAAAAGCGGAATCTCTTAATATTTTTTACACGCACTTATATAT	95374
Qy	1211	ATCGTATATGATCTTACTT-ATGCTACGACAGGACTGAATTTATATATGAGAAAAAGAA	1269

Db	95313	ATGTTCAATTAACACACTTGATTAATATATCCCAAAAACTAGTGTGTTTGGAAATCAGAT	95314
Qy	1270	GGTCCACCACAACAAAACTTTAATACATTTGAACTCTATTAAGTTCAATTGTA	1329
Db	95313	GTAACTGATAAATTAAATCTCTGGTTGGCAACAAATATTTATTTTTTATTAAT	95254
Qy	1330	GATGACAGTAAGTCTACTCTCCCTTTTCTTAACATATACTTTCAATTAATCAAT	1389
Db	95253	GTCTAATGCTTAGATTAATATCTAAATGATTAATATATTTGTAAATGCAATTTT	95194
Qy	1390	GAACCTTAATTTAATATATACCGTAGAATTAATTAACAATTAAGCTGGGGGAATTA	1449
Db	95193	TTTATTAATTAATGTAATCTAGACTTTTGGAGAAAACTTAACAGACAGATCTGGCAAA	95133
Qy	1450	TCTAATGATAAAAAACAACGTATTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACCAAT	1509
Db	95133	ACTATGATGTAATTAATAATATTTTCGGGTTCGAATTTCTTAACGAAGAGATCA	95074
Qy	1510	ATTATATCAAAATGTTTACCAAGCTAATATGTTATATGTCATTTTATCCAGTTTCT	1569
Db	95073	GGAACCCCTACCTTTTTCACAAATATGAATACATATAGTCATATTTATCATTTATTA	95014
Qy	1570	TTATTTAATTAATTCCTAATAAATGATATGCGCTAAATATATTAATATACAGGTGAT	1629
Db	95013	AGCTTTAGTATCCC-----TGCAACATTAATTAACCTGAAGTATAGTTT	94966
Qy	1630	GGATGACACACAGTAGTGTAAATAGAAATATGCAATACAGATTAATTAATTAACAT	1689
Db	94968	GCTTGACACACCTCTAGTGTGATCTTAATAATACATATTAATACATTTAATCA	94908
Qy	1690	ATCCACCAATTCAAAGTACATCTGTTATACAACTCTAAGTATTTGAAGACCTGGT	1749
Db	94908	ATTCACCTGTAAGGAATTCACATGGGACGCTTAAAGTGTTCAGAGACCTGGT	94849
Qy	1750	CATACAGAGAACTGGTTTATTTTACAAGTCAAGGCGTTTGAAGTATACATGTAGA	1809
Db	94848	CATACAGAGGGGATTTAATGATTTCAAGATCA-----TTCAAAATACATGTCA	94799
Qy	1810	ACTCTAATTCACAAATCTTATACATTAAGACTTGATACGCTACAAATGGTGTGGA	1869
Db	94794	CATCAATTTTCAACATCGTATTTTATTAAGAAATCGTTATGCTTCAATGGAGACGA	94735
Qy	1870	AATATCTCTCTAATATATCTTTACAAATCCAGAGTATAGGATACCACTCAACGA	1929
Db	94734	AATATCTGAGCTGTTAATAATCTTAATGCCAGGG--TACACAACCTGGTATGGA	94676
Qy	1930	CTCAACAACCTTTTCTGGTACAAATTAATATTAATTTCAATACGAGATTTGGGTAT	1989
Db	94677	CTCAACCCCACTTTTCTGGTACGATTAATACGAATTTAATAATTAAGATTTTCAGTAC	94618
Qy	1990	TTCAATTTTCAAGTACAGTACATTAACCTTAAATCGAAACATACATCAATTAATTAAT	2049
Db	94617	TTAAGATTTTCTAACGAGTGAATTTGCTCAAAATCAAAACATATCTCTGGTTAAT	94556
Qy	2050	CGTGCAGATGAT--CAATTCATTTTAATCATGATTAATTTGAATTTATACCAAT	2106
Db	94557	CGTTCGATGTATTAACAAACAAACAGTACTTAATGATTAATTAATTAATTTTCGCAAT	94498
Qy	2107	ACTTCTCTGTAGCGCAAAATAGAGAAAAACAATAATTTGAACATATCCAAACAATA	2166
Db	94497	ACTGTTCTATAGAGAGATAGAGAAACAAAAATTAAGAACAGTACACAAATAT	94433
Qy	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATATCTTAAATATAGAACCAAACTATGAT	2226
Db	94437	AATACATTTTATGCAATCTCTATTAATAAACATTTTCAATCAGAACTTACAGATTAAG	94376
Qy	2227	ATTGATTA 2235	
Db	94377	ATTAGTCA 94369	

## RESULT 10

[illegible]

```

RBS      complement (5283. .5286)
gene      complement (5364. .5507)
           /gene="pBc006"
           complement (5364. .5507)
           /gene="pBc006"
           /note="Similar to Bacillus anthracis pXol-17 TR:Q9X2Y8
           (EMBL:AF065404) (47 aa) fasta scores: E(): 2.1e-12, 68.08%
           id in 47 aa"
           /codon_start=1
           /transl_table=1
           /product="putative integral membrane protein"
           /protein_id="CAD30068.1"
           /db_xref="GI:21685415"
           /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8RNX2"
           /translation="MAVILKDSNYIENNTYNEIGFPGKIFWGLIFVPEFWSIMLITFIY
           LCK"
           complement (5370. .5435)
           /gene="pBc006"
           /note="1 probable transmembrane helix predicted for pBc006
           by TMHMM2.0"
           complement (5515. .5519)
           complement (6451. .8160)
           /gene="pBc007"
           complement (6451. .8160)
           /gene="pBc007"
           /note="Similar to Bacillus anthracis pXol-16 TR:Q9X2Y7
           (EMBL:AF065404) (569 aa) fasta scores: E(): 0.96.13% id
           in 569 aa, and to Bacillus thuringiensis pXol orf16-14ke
           protein TR:CAQ50562 (EMBL:AJ296638) (310 aa) fasta scores:
           E(): 6.5e-122, 99.67% id in 310 aa"
           /codon_start=1
           /transl_table=1
           /product="conserved hypothetical protein"
           /protein_id="CAD30069.1"
           /db_xref="GI:21685416"
           /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8RNX1"
           /translation="WKSFTIQNQRSLNGKTTNAVVTLSKQKRVAAFEKRYSYD
           TYLEDILQHTMYEERIALDVEGFVEKAKSFERRAMSTLAETGRKHLKYGITNADLEV
           FLYLHKCPTNGVLPNVTIHHMMEDYKQYKEEFAYIOHSQYIALKTLNLHNIEN
           GLDRYTIKLTHPNNEETEKANPYVYISPVIFTDQPFSLTAALKPLDIAAMOCHET
           TLKSLDKODRGKHTHGKMWYFLHKYVPHQIRAVIELTTLPCGNPLFKI CKMO
           KGVGTRKXTLYLSTHSDFCSKEAGEBGRDPPTPRATYARAKIEIVLDQMNIG
           ELSDMKNFIVLAKTKCHKQIRSVIRGRNDVRKEGPIVITLTKLHLISYOYL
           LDYAKAGIYPLIAQHI PKERNSDRBOAFNFGALSYSLNIRKMFKNVHALLKOK
           FAVPTESYRYNLYKQIELTFPKRYADQGVNLHAYLALEIEREKLYVGHIERIT
           PSDVREWFIEAIDKLPOEKRLVIELKQFNILBFMRIFERLVRAGVITITADQYLHAM
           EIK"
           complement (8168. .8173)
           /gene="pBc009"
           /note="Similar to Bacillus anthracis pXol-14 TR:Q9X2Y5
           (EMBL:AF065404) (564 aa) fasta scores: E(): 1.6e-191,
           10.0% Score 222.6; DB 1; Length 127923;
           Best Local Similarity 49.5%; Pred. No.1.6e-21;
           Matches 1091; Conservative 0; Mismatches 941; Indels 174; Gaps 13;

```

```

RBS      complement (8168. .8173)
RBS      8947. .8951
gene      8959. .10653
           /gene="pBc009"
           8959. .10653
           /gene="pBc009"
           /note="Similar to Bacillus anthracis pXol-14 TR:Q9X2Y5
           (EMBL:AF065404) (564 aa) fasta scores: E(): 1.6e-191,
           10.0% Score 222.6; DB 1; Length 127923;
           Best Local Similarity 49.5%; Pred. No.1.6e-21;
           Matches 1091; Conservative 0; Mismatches 941; Indels 174; Gaps 13;

```

REFERENCE	Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
AUTHORS	Delecluse,A. and Orduz,S.
TITLE	Characterization of two new mosquitocidal toxins, Cry29A and Cry30A, from Bacillus thuringiensis medellin
JOURNAL	unpublished
REFERENCE	2 (bases 1 to 6009)
AUTHORS	Delecluse,A.
TITLE	Direct Submision
JOURNAL	Submitted (22-DEC-1999) Delecluse A., Bacteries & Champignons Entomophagesnes, Institut Pasteur, 25, rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, FRANCE
FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..6009
/organism=	"Bacillus thuringiensis serovar medellin"
/mol_type=	"genomic DNA"
/iso_late=	"163-131"
/sub_species=	"medellin"
/db_xref=	"taxon:79672"
/country=	"Colombia"
642..2594	
/gene=	"Cry29aA"
642..2594	
/gene=	"cry29aA"
/function=	"putative mosquitocidal toxin"
/codon_start=	1
/evidence=	experimental
/transl_table=	11
/product=	"Cry29aA protein"
/protein_id=	"CAC80985.1"
/db_xref=	"GI:11977979"
/db_xref=	"GOA:O8VNX2"
/db_xref=	"UniProt/TREMBL:O8VNX2"
/translation=	"MSFQKMKRYEILNARSSTSNIPNNYSKYPIANTLMOTMONTYV KDPTMCALDNNLKSIINPFANONSLVGIPATTAIALSLSPITGTSIAGTAATA AAIIPLWPSQENNLPRDLAISBATYISFDODRVREDALTRLESKDVSXYPENATT FWINDPNSNTTTPVRBERPOVNRFVGSMAFPFAKNVEPLLSTVAQAAPHLHAFED GITAEAKMLSRQDDMPGDLLYEKFPCYNIEYLHIKIKNYSLSLKSGVMGLMELE NOVELFTLASVLVDLYLFSSSYDPRLYKERLSVELLPKLTYTDPINRHYSLEADESK YTLEPTFLQLTVLTLYFSNI FPNYMGTHTNYRYSISPKTIABERSFGROSSYIDKPVI PNDKSITIYIKIRADNHNGLENMYTFGWDSOKDIQKITGGSETELIKCKTHLAVD ISHLDLRNKCYSPAWMTSTTISLENEIKNDI IQIIPAVKA YQLGVQSQVKPGPHETV DLNISKNDYLRISQHLNVTKKYFVARIVATGSLNTERPIINIITIPGMTCOMVLD NTPEGYSNLEYONFYGEKEPLEKEVTLNPDNISLTILNRSDONSILLDRIFEPLPI TPSRKRSKEQNLEKRQKTINKLFFN"
ORIGIN	
Query Match	9.9%; Score 221.8; DB 1; Length 6009;
Best Local Similarity	65.2%; Pred. No. 7e-21;
Matches 376; Conservative	0; Mismatches 192; Indels 9; Gaps 3;
Oy	1623 TGCATTAGATGACACACAGTAGTGTTAATAGAATAATGCAATATCAGATAAATAAT 16622
Dd	2027 TTCTTTGACATGGACAATCTACTCAAATTTCTCTTGAAGAACAAATTAATAATGATAAT 20866
Oy	1663 TACAATATGCCACATCCAAAAGGTAAACAGCTCGATATACAAACTCTAAGTAATTGAAG 17422
Dd	2087 CACACAAATCCCTCTGTAAGAGCTTAATCCAATTGAGTGTCGAATCACAAGATGATAAGG 21466
Oy	1743 ACTCGTCATACAGAGAGAAATCGTGTATATTTACAAAGTCAAGGAGGCGTTAGAGATTAC 18020
Dd	2147 TCACGGTCATATCTGCTGGAAGACTTAATAATTAAAAATCAAAAGATTATTAAGTAATC 22066
Oy	1803 ATGTAGA---ACTCTTAATTTCTACACAATCTTATTACATTAGACTTGGATTCGCTACAA 18559
Dd	2207 ATGTCAACACTTATCTATATGTTAACAAAAATATTTTTGTAGAATTGCTACGCTACAAA 22666
Oy	1860 TGAGCTGGAATACTCTTCTCATATATATCTCTTACAAATACCAGAGTAATTAGGAATACC 1919
Dd	2267 TGATTCTCTAATATCTAGGCCCATTAATAATATTACAAATTCGAG--AATGACACACA 2323
Oy	1920 ACCTCAAGACTCAACAACATTTTTCGTACAAATTAATAATTATTAACATACGAGA 1979

Db 2324 AGGATGCTACTGATATATCTTTTCTGTCAGGTTAATAGCAATTTAGAAATATCAAAA 2383  
Qy 1980 TTTTGGGTAATTTCCAAATTTCCAGTACAGTACATTCCTTTAAATGGAACATACCAT 2039  
Db 2384 TTTTGGGTAATTAAGAAATTTCTTAAGAGAGTACATTTAAATCCAAATCAAGTATATCT 2443  
Qy 2040 TATATTAATTCGTGACAGATGA---TCAATTCATTTTAATCATTTGATTAATTAAT 2096  
Db 2444 TACATTAATTCGTCTGATCAAAATTCAAATTTTACTCTCTGATGAATTAAT 2503  
Qy 2097 TATACCAATTAATCTTCTCTGTCAGCCAAATAGGAAAAAATAAATTAAGAACTATCA 2156  
Db 2504 TCAACCAATTAATCTCTCTATACGAAAAAGTAAAGAACAAATTAAGAAAAATCA 2563  
Qy 2157 AACAAATTAATATCATTTTTCACAAATCATACAAA 2193  
Db 2564 GAAACCGTAAACAGTATTTTTCATTAATAATAAA 2600

RESULT 12  
BACSOB 3753 bp DNA linear BCT 26-Apr-1993  
LOCUS B.thuringiensis insecticidal endotoxin gene, complete cd.  
ACCESSION M12662  
VERSION M12662.1 GI:143228  
KEYWORDS  
SOURCE Bacillus thuringiensis  
ORGANISM Bacillus thuringiensis  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 3753)  
AUTHORS Thorpe,T., Garduno,F., Thompson,T., Decker,D., Zounes,M., Wild,M., Welfield,A.M. and Pollock,T.J.  
TITLE Structural similarity between the lepidoptera- and diptera-specific insecticidal endotoxin genes of Bacillus thuringiensis subsp. 'kurstaki' and 'israelensis'  
JOURNAL J. Bacteriol. 166 (3), 801-811 (1986)  
COMMENT Original source text: B.thuringiensis subspecies israelensis DNA.  
PUBMED 3011746  
FEATURES  
source location/qualifiers  
1..3753  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/db\_xref="taxon:1428"  
941..2968  
/note="insecticidal endotoxin (put.); putative"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/protein\_id="AA22614.1"  
/db\_xref="GI:143229"  
/translation="MNPYONKNEYEIPNAPNGFSKNNYSRYPLANKPNOPKNTY  
KDLNVCODNOYGNMGNPASFSEITVGAGITVGTMTGAPAPVLAAGIISPTL  
LPIFWQSDPANWQDILNIGRPIQIDKNTINVTSTYTPKQDLKTOEFPDKKE  
PARTHANAKAVHDLFTLEPILIDDLMLNNASVRLPIPAVAQALATWMLNLKAA  
TYNIMLQNGINPSTSNSSNYOGYLRKIOBYTDCITVYAGLMTITNTATNA  
MYNTRLEMLTVLDLAIFPNDPEKYPGVSELRREYVTVNNSPTPTIELENG  
LTPNPFLFTWINGRFPYRNSRDILIDYDIFSGSELMREYTVNNSPTPTIELENG  
ISODTSKVPFVFNKPIIDKYEIVHREYSDIYEMTFSSSSSVFRSSSTJENNYK  
RTDSYMKPOTWKNREYGHLSYTKDNTYFVSVREKRRVAFSTHRSVDFONTID  
NITQIHAKALKVSDSKIVGPGHTGDLVILLKSDNDPVRFLKNSROYQVIRIRA  
TNAKTVPLFLGIDTISELPSSTSRONPVALDLYADFGVTFPRVTPKTEGEBDT  
LMLTXYGTPHNSYNIYDKIEFIPITQSVLDYTEKQNIETKQKIVNLFVN"

ORIGIN  
Query Match 9.9%; Score 221; DB 1; Length 3753;  
Best Local Similarity 49.4%; Pred. No. 1.1e-20;  
Matches 1090; Conservative 0; Mismatches 942; Indels 174; Gaps 13;

Qy 14 ATATAATGATATGATGATTCATTCAAAGATTTATCTTATCTTCTTAACGAGATA 73  
Db 951 ATCAAAATTAAGATGATATGAAATATTCATGCTCCATCCAAATGCTTTAGCAAGCTA 1010

Qy 74 TTGATCATTCAGATACCTTACACAAATATTCAAATCAACCATTAACAAAACAAAT 133  
Db 1011 ATAACTATTCATGATATTCATTAAGCAATTAAGCAATCAACCAATTAAGCAAT 1070  
Qy 134 ACAAGAGGCGCATATGTCGAAGGGAATACAAATATGCTGAATTTTCGACACT 193  
Db 1071 ACAAGATGGCGCATATGTCGAAGGGAATACAAATATGCTGAATTTTCGACACT 1130  
Qy 194 TTGCTAGTCGTATACAAATTCGTCAGTAGTCAGGTACTATTTGATCCGGTACTCT 253  
Db 1131 TTGCTAGTCGTATACAAATTCGTCAGTAGTCAGGTACTATTTGATCCGGTACTCT 1190  
Qy 254 TAGCCGGTATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATAGGAATATAGGCTATTA 313  
Db 1191 TAGGACCTTTGGTGGCC-----CTGCTTAGCTGACAGTA 1226  
Qy 314 TATATCTTTGGTACCCTATATCATCTCTTTTGGCCCGGAGAAACAGCAAAACG 373  
Db 1227 TATATCTTTGGTACCCTATATCATCTCTTTTGGCCCGGAGAAACAGCAAAACG 1283  
Qy 374 TATGACACAAATTTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACGAAGA 433  
Db 1284 TTTGGCAGATTTGTTAAACATGAGAGGAGGCTTACAGAAATAGATTAATAACATA 1343  
Qy 434 TAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAAGAGATTAGACAAATATTAACAAGCTATATA 493  
Db 1344 TTAATGATCAACTT-----CTATGTAACACCTATTAATAATCACTTGATTAATATC 1397  
Qy 494 CAGCATTAATGATTTGAGAGAAATTTAAAGACTACACCTCTCTGATTAACACCTAT 553  
Db 1398 AAGAAATTTTCATTAATGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1456  
Qy 554 CAGCATTAACAGAGCTGCTTGAACCTTAAATACGATTTGAGATTTTCAATGAT 613  
Db 1457 GATCTCTTATCTATCTTAAACCTATATAGATTAAGATTTAGATATGTTAAAA----- 1511  
Qy 614 TTAATGAGAAATACCTGCTTCAACTTGAACCTTAAACGCTATTAATCTATCT 673  
Db 1512 -----ATAATGCTATGATGAAATACCAACATCTCCGCAAT 1547  
Qy 674 ATGCGCAAGCTGTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGTGTGAAATGGCTGATG 733  
Db 1548 ATGCACAAAATGCTATCTGACCTTGAATTTAATAACATGCTATCTATTAACAATA 1607  
Qy 734 AATGATCGAGATATATACCTCTTCAAAATGAACTTAATGCTGGAACATGATGAT 793  
Db 1608 TATGCTGCAAAATCAAGATTAATCAAGTACTTCAAT-----TATCTAATTAAT 1661  
Qy 794 ATTATTAACCTTTAAAGAAATATATCTTAATATATGATATTTGCAAAATACCTATA 853  
Db 1662 ATCAGGGCTATTTAAACGTAATAATCAAGAAATATATCTGATATTTGTAATCAAA 1721  
Qy 854 GAGAAGGATTAATTAACCTTCAAGAACGATTAATATGATATTTTAAATGAT 913  
Db 1722 ATCAGAGACTTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1781  
Qy 914 ATGGAAGAT 973  
Db 1782 ACCGTTAAGAAATGATCTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1841  
Qy 974 TAAAGAGATTAAGAAATTAAGAAATATAGTGGCAATTAAGTGAACCTTAACAAG 1033  
Db 1842 CAGAAAAAT-----TCAATATAGAGATTAATCTGAACCTATACAG 1883  
Qy 1034 AATTTATACATGAAATTAATTTTGAACCGTCTATCTTATCTGAAATTCACCAATC 1093  
Db 1884 AAGTTATATGAAATGTTAATTCAGATACATTTAAGAACATTAACAAGATCAAGAA----- 1936  
Qy 1094 TCGCTAATATGAAATTAATTTAACAAGTGGGCTATGATATTTTCAATTTTATGATG 1153  
Db 1937 -----AATGATTAATTAAGAAATCTATATATATATATATATATATATATAT 1979  
Qy 1154 AACTTATATTTATTAACAAAAATGAAGAGTACGGGAATCGTTTATGTTGATTCGAATC 1213

```

Db 1980 AAGGCGTTTTTACGACGAAGAAATCTCGAGACATTTCTGATCCTTAATATTTTCTT 2039
Qy 1214 GTAATAGATCTAATCTATGCTACGACGAGAACTGAAATATATATGAGAAAGACAGTCC 1273
Db 2040 TTACAGGTACGACGATGCGCTTTTACACATCTAATGATGACCAATATCTGGGAG 2099
Qy 1274 CACCCAGCAACAAAACCTTAATACCATTTGAATCCTTAATAGTTTCAATTTGAACTGATA 1333
Db 2100 CGGTTCATGAAATATTTTCTGACAGACATCCAAAGTATTTCTTTTATAGAAACA 2159
Qy 1334 GACAAGTAATCTTAATCTTCCCTTTTCTTAACATATACCTTTAATCAATTAATCAATTTGAA 1393
Db 2160 AACCATGATGATAGGTGAAATTTGTCAGACATAGAGATGACATATATATATGAAA 2219
Qy 1394 TTTATTTAATTAATTAATCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1453
Db 2220 TGATATTTTTCGAAATGACGATGAAATTTGATATTCATTCATCAATTAATGAAA 2279
Qy 1454 ATGATTAATAAACAACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACGTAACCAATTAATTA 1513
Db 2280 ATTAATTAATAAAGAACTGATTTCTTAATGATTTCCAAACCAACATGAAAAATGAAAT 2339
Qy 1514 ATCCAAATTTGTTTACCAAGCTATATATAGTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTAT 1573
Db 2340 ATGTCATACCTCTATCTGATATATTAATACTGATATATATATTTTCTTCTTAT 2385
Qy 1574 TTTAATTAATTTCTTAATAAATGGAATGAGCTTAATATATATATATATATATATATAT 1633
Db 2386 -----AGTATGTAAGAAAGAAAGAGTGGATTTAGATT 2420
Qy 1634 GACACACAGTATGCTTAATAGAAATTAATGCAATTCAGATTAATAATTAATTAATTAATTC 1693
Db 2421 GACACACATATGATGTTATTTCCAAATTAACATGATTTAGATTAATCAATCCAAATCC 2480
Qy 1694 CAGCAATCAAAAGTAAAGCTCTGATACAACTTAAGTAAATTTGAAAGAACTGCTGATA 1753
Db 2481 AAGCTCTAAAGCTTTGAAAGTAACTGATGATTCGAAATTTGAAAGTCTGCTGATA 2540
Qy 1754 CAGGAGAACTGTTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTAAAGATTAATCATGTAGAACTC 1813
Db 2541 CAGGAGGAGACTGTTGATTTCTTAAGATTAATGATTTTAAAGATTTTAAATA 2600
Qy 1814 CTAATTCACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1873
Db 2601 AATTTCTGACAA--TATCAAGTACGATTTGATGCTATGCTATGCTCAAGACAA 2657
Qy 1874 CTCTTCTAATATATCTCTTAATTAATCAAGGAGTAAATGAAATCACTCAAGACTCA 1933
Db 2658 CAGTA--TTCTTAACCGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2715
Qy 1934 ACAACACTTTTTCGTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTC 1993
Db 2716 CCAAAAC-----CCAATGCTACAGATTTTAACATTAATTAATTTGGAATGTA 2765
Qy 1994 AATTTCCAGTAAGT-----AACATTAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2044
Db 2766 CATTTCCAAAGAACTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2825
Qy 2045 TTAATGCGAGATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2104
Db 2826 TATATGATGACCAAAATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2885
Qy 2105 TTAATCTCTGATGCGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2164
Db 2886 TCACCTCAATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2945
Qy 2165 TAAATACATTTTTCACAAATCAACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2210
Db 2946 TGAATGATTTATTTGTTAATTAACAAAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2991

```

RESULT 13

```

E00614
LOCUS E00614 3756 bp DNA linear PAT 29-SEP-1997
DEFINITION DNA encoding a polypeptide having insecticidal activity(BTI
endotoxin).
ACCESSION E00614
VERSION E00614.1 GI:2168893
KEYWORDS JP 1986005098-A/1.
SOURCE Bacillus thuringiensis
ORANISM Bacillus thuringiensis
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
cereus group.
REFERENCE
1 (bases 1 to 3756)
Aran, E.U. and Toomasa, J.P.
INSECTICIDAL POLYPEPTIDE
Patent: JP 1986005098-A 1 10-JAN-1986;
SHINTO CORP
OS Bacillus thuringiensis
PN JP 1986005098-A/1
PD 10-JAN-1986
PR 21-FEB-1985 JP 1985031647
PR 22-FEB-1984 US 84 582506, 22-JAN-1985 US 85 693556 PI
ARAN EMU UORUFUTIRUDO, TOOMASU JIEI POROTSUKU PC
C07K15/04, A01N63/02, C07H21/04, C12N15/00, C12N15/00, PC
C12R1.19;
CC strandedness: Single;
CC topology: Linear;
CC hypothetical: No;
CC anti-sense: No;
CC *source: strain=Israensis ONR-60A;
CC *source: clone=BRI4-1;
FH Key Location/Qualifiers
FH 5'UTR <1..925
FH FT 926..2971
FH CDS /product='Bti endotoxin'
FH FT 926..2968
FH FT /product='Bti endotoxin'
FH FT 2972..3756.
FEATURES
source
1..3756
Location/Qualifiers
1..3756
/organism='Bacillus thuringiensis'
/mol_type='genomic DNA'
/db_xref='taxon:1428'
ORIGIN
Query Match 9.4%; Score 209.6; DB 6; Length 3756;
Best Local Similarity 49.7%; Pred. No. 3.7e-19;
Matches 1100; Conservative 0; Mismatches 929; Indels 183; Gaps 15;
Qy 11 ATATATTAATGATATGATGATTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 70
Db 954 AAAATTAAGAAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1007
Qy 71 ATATGATCATTTAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 130
Db 1008 CTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1067
Qy 131 ATTAACAAGTGGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 190
Db 1068 ATTAACAAGTGGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1127
Qy 191 CATTTGATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 250
Db 1128 ATTTGATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1187
Qy 251 TGTAGCGGATATAGTGGGCTCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 310
Db 1188 TGTAGGAGCTTTGCTGCC-----CTGTCTAGCTGAG 1223
Qy 311 TAAATATATCTTTTGGTATCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 370
Db 1224 GTATTAATTAATCTTTTGGGCTTTGTTGCGATCTTTTGGCAAGATGACCTCG---CAA 1280

```



QY 371 CAGTATGACAACTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAAACAGAAA 430  
 Db 1281 ATGTGTGGCGAGATTTGTAAACATCGAGAGAGCCCTATTCAGAAATAGATTAACAAA 1340  
 QY 431 GCATTAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGAGATTTAGCAATATTTACAAAGCTATA 490  
 Db 1341 TAATTAATGTAAGTACTT-----CTATCGTAACCTATTAATAATCAACTTGATTAAT 1394  
 QY 491 ATACAGATTAAGATGATGAGAAAATTAATAAAGCTACAGAGCTCGATTTACACCAT 550  
 Db 1395 ATCAAGAAATTTTGTATTAATGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1453  
 QY 551 CATAGCATTAACAAGAGCTGCTTGAATCTTAAATTCATGATTTGAGAGATTTCAAGATG 610  
 Db 1454 CATGATCTCTTTACCTTGAAGACTATATATTAAGATTTAGATATGTTAAAAA-- 1511  
 QY 611 ATTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACCTTAATAAAGCTATTTACTACTTA 670  
 Db 1512 -----ATTAATGCTAGCTATGAAATCAACACACTCCCTG 1544  
 QY 671 TTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGAGCTGGAATTTGGCTG 730  
 Db 1545 CATATGACAAATAGCTACTTGCACTTGATTTATTAACATGCTGCTACCTATTAACA 1604  
 QY 731 ATGAAATGGAATGAGATATACCTCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAAGATG 790  
 Db 1605 ATATATGCTGCAAAATCAAGATTAATAATCCAGATCTTCTTAAT-----TCATCTAAT 1658  
 QY 791 ACTATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTATTAATTTGTCAGAAATCT 850  
 Db 1659 ACTATCAGGCTATTTTAAAGGTAATTAACAGAAATTAATCTGATATTTGTATACAAAGCT 1718  
 QY 851 ATAGAGAGAGCTAATTAACCTTGAACGAACTTAATGAGATGAGATTAATTTATG 910  
 Db 1719 ACATGAGAGAGCTAATGATTAATGAACTAATTAATTAACGAACTGGAATATGATATA 1778  
 QY 911 ATATGCAAGATATATGATCTTATGATTAATGATTAATGCTGCAATTTCTTTATG 970  
 Db 1779 CTTAACCTTGAAGATGCTTAACTGTGATGATCTTATGCTAATTTTCCAAATATG 1838  
 QY 971 ATATTAAGAGATTAACAAGATTAATGAGAAATGAGGCTTAATAAAGCTTAACA 1030  
 Db 1839 ACCGAGAAATTA-----TCCAAATGAGGATTAATCTGAACCTTAACA 1880  
 QY 1031 GAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTTGAACGCTTACTTACCTTGAATTTCAACCA 1090  
 Db 1881 GAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTCAATTAATTAAGAACATTAACGAACTAAGA---- 1936  
 QY 1091 ATCTGCTATTAAGATTAATTAATTAACAGCTTGAAGGCTTGAATTTTCAATTTTATG 1150  
 Db 1937 -----AATGATTAATCTAAGAAATCTTACATTTATTTACTTGGATTA 1976  
 QY 1151 ATGAATCTTAATTTTATTAACAATAAATGAAGCTACGAGAAATCGTTAGTATTTGGA 1210  
 Db 1977 ACAGAGGCGCTTTTACAGAAATTTCTGAGAGCAATTTGATTCCTTAATTAATTTT 2036  
 QY 1211 ATCTGAATTAATCTAATTTATGCTACGAGAGAGCTGAATTAATTAAGAGAAAGAAACAG 1270  
 Db 2037 CTTTAAAGGTAAACAGATGCGCTTTACACATTAATTAATTAAGAGAGAAACATTAATCGGC 2096  
 QY 1271 GTCAACCAACAAGAAATTTAATACATTTGAATCTTAATTAAGTTCAATTTGAATCTG 1330  
 Db 2097 GAGGAGTTCATGAATTAATTAATTTCTCAAGACATCAAAAGTATTTCTTTTATGAA 2156  
 QY 1331 ATAGACAAGTAATCTCTACTTCCCTTTTCTTAACATTAATTAATTAATTAATTAATG 1390  
 Db 2157 ACAGAACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 2216  
 QY 1391 AACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1450  
 Db 2217 AATATGATATTTTTCGATTAAGAGATTAATTTGATTAATTTCAATTTCAATTTCAACATG 2276  
 QY 1451 CTATGATTAATAAACAAGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGAGCTTAACCAATTA 1510

Db 2277 AATATATTAATAAACAAGATTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2336  
 QY 1511 TTAATCCAAATTTGTTACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1570  
 Db 2337 AATATGCTACTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCTC----- 2385  
 QY 1571 TATTTAATTAATTTCTTAATAAATTTGATTTGCGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1630  
 Db 2386 -----AGTATTAAGAAAGAAAGAGTTTGA 2417  
 QY 1631 GATGACACACAGTATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1690  
 Db 2418 GTTGGACACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2477  
 QY 1691 TCCAGCAATCAAGGTAACAGCTTGAATCAAACTTAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1750  
 Db 2478 TCCAGCTCTTAATACTTAAGGTAAGTTCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2537  
 QY 1751 ATACAGAGAGAACTGTTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAAT 1810  
 Db 2538 ACAGAGTAAACTTGTATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2597  
 QY 1811 CTGCTAATTTTACAACTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1870  
 Db 2598 AATATGTTCTCAACA-----TATCAAGTACGTAATTTGTTATGCTTAATTAATTAATTAATTAAT 2654  
 QY 1871 ATACTCTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1930  
 Db 2655 CAACAGT--ATTCTTAACGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2712  
 QY 1931 TCAACAACACTTTTCTGTTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1990  
 Db 2713 CCGCCAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2762  
 QY 1991 TCCATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2043  
 Db 2763 TAACTTTTCAAGAAAGTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2822  
 QY 2044 -----TTTAATGCTGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2098  
 Db 2823 ACCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2882  
 QY 2099 TACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2158  
 Db 2883 TCCCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2942  
 QY 2159 CAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2210  
 Db 2943 AATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2994  
 RESULT 14  
 DQ078744 434 bp DNA linear BCT 11-JUL-2005  
 LOCUS DQ078744  
 DEFINITION Bacillus thuringiensis strain LDC-9 cry4A insecticidal protein (cry4A) gene, partial cds.  
 ACCESSION DQ078744  
 VERSION DQ078744.1 GI:68348788  
 KEYWORDS  
 SOURCE  
 ORGANISM  
 Bacillus thuringiensis  
 Bacillus thuringiensis  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 434)  
 AUTHORS Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.  
 TITLE PCR analysis and molecular characterization of cry4A gene of indigenous Bacillus thuringiensis LDC-9  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 434)  
 AUTHORS Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (31-MAY-2005) PG Department of Zoology and Research



Centre, Lady Doak College, Chinnachockikulam, Madurai, Tamilnadu  
625002, India  
location/Qualifiers

FEATURES  
source  
1..434  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/strain="LDC-9"  
/db\_xref="taxon:1428"  
<1..>434  
/gene="cry4A"  
/gene="cry4A"  
/note="cry4A delta endotoxin; contains putative conserved domain of delta endotoxin"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="cry4A insecticidal protein"  
/protein\_id="AAV96321.1"  
/db\_xref="GI:68348789"  
/translation="SSLSNFQSYRIRIRYASNGSAMPYVNLISPGVAELMALNPT  
FSGDYTMKTKDFOYLEFSENVKRAPNQLSLVFNKSDVYNTTTLVLDKIEFLPITR  
SIREDEKQKLETVQOIIINTFYANIKNTLQSELTVDIDQGG"

gene  
CDS  
1..4959  
/organism="Bacillus thuringiensis serovar finitimus"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/sub\_species="finitimus"  
/db\_xref="taxon:29337"  
1128..4514  
/gene="cry"  
1128..4514  
/gene="cry"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="parasporal inclusion protein Cry"  
/protein\_id="AAG00235.1"  
/db\_xref="GI:9828610"

## ORIGIN

Query Match 9.1%; Score 202.8; DB 1; Length 434;  
Best Local Similarity 70.2%; Pred. No. 7.1e-18;  
Matches 302; Conservative 0; Mismatches 122; Indels 6; Gaps 2;

1809 AACTCTTAATCTACACATCTTATTACATTAGACTGATACGCTACAAATGGTCTGG 1868  
3 ATCACTCAATTTCAACATGCTATTATTAAGATTGTTATGCTTCAATGGAAGGC 62  
1869 AATATCTTCTTAATATCTCTTCAATACAGAGATATGGAATACCACTCAACG 1928  
63 AATATCTGAGCTGTATTAATCTTATGATCCAGGGG---TAGCAGAACTGGTATGCG 119  
1929 ACTCAAGAACCTTTCTGGTACAAATTAATTAATTAATGATGAGAGATTGGGTA 1988  
120 ACTCAAGAACCTTTCTGGTACAAATTAATTAATTAATGATGAGAGATTGGGTA 179  
1989 TTTCCATTTTCAAGTACGATACCTTAAATGAAACATACCATTAATTTTAA 2048  
180 CTGTAATTTTCAAGAGTGAATTTGCTCAATCAAAACATCTCTTGTCTTAA 239  
2049 TCGTGCAGATGAT---CAATTCATTTTAATCAATTAATTAATTAATTAATCAAT 2105  
240 TCGTTCGATGATGATTAATCAAAACAGTACTTATGATTAATTAATTAATTTCTGCAAT 299  
2106 TACTTCCTGTAAGCCAAATAGAGAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2165  
300 TACTTCCTGTAAGAT 359  
2166 AATATCATTTTCAACAAATCAATACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2225  
360 TAAATCATTTTCAAGAGATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 419  
QY 2226 TATTGATTTAA 2235  
DB 420 CATAGATCAA 429

RESULT 15  
AF285775 4959 bp DNA linear BCT 16-AUG-2000  
LOCUS AF285775  
DEFINITION Bacillus thuringiensis subsp. finitimus parasporal inclusion  
protein Cry (cry) gene, complete cds.  
ACCESSION AF285775  
VERSION AF285775.1 GI:9828609  
KEYWORDS  
SOURCE Bacillus thuringiensis serovar finitimus  
ORGANISM Bacillus thuringiensis serovar finitimus  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus  
cereus group.

REFERENCE 1 (bases 1 to 4959)  
AUTHORS Moore, G.D. and Debro, L.H.  
TITLE Cloning and Analysis of a Gene for Exosporium Enclosed Cry Protein  
of Bacillus thuringiensis subspecies finitimus  
JOURNAL Unpublished  
REFERENCE 2 (bases 1 to 4959)  
AUTHORS Moore, G.D. and Debro, L.H.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (07-JUL-2000) Biology, Jacksonville State University, 700  
N. Pelham Road, Jacksonville, AL 36265, USA

## FEATURES

source

1..4959  
/organism="Bacillus thuringiensis serovar finitimus"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/sub\_species="finitimus"  
/db\_xref="taxon:29337"  
1128..4514  
/gene="cry"  
1128..4514  
/gene="cry"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="parasporal inclusion protein Cry"  
/protein\_id="AAG00235.1"  
/db\_xref="GI:9828610"

gene

CDS

## ORIGIN

Query Match 8.5%; Score 190.8; DB 1; Length 4959;  
Best Local Similarity 49.5%; Pred. No. 1.1e-16;  
Matches 958; Conservative 0; Mismatches 852; Indels 126; Gaps 13;

303 AGGTGCTAATTAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGTCCTTTGGCCCGGAGAAC 362  
1292 AGGTGCTAATTAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGTCCTTTGGCCCGGAGAAC 1351  
QY 363 AGA---CAAAACAGTATGACACAAATTTTAAATGAGAAATTTTGTGATACCC 419  
DB 1352 AGATCCAAAATAATTTGGTCAATTTATGAAAACAGGAGAAACCTTTTAAATCAAAC 1411  
QY 420 GTTAAAGAAAGAGTAAAGAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGT 479  
DB 1412 AATTTCTACAGCTGTAAGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAAT 1471  
QY 480 ACAAGCTAATTAATCAAGATTAATGATGATGAGAGAAATTTAAAGAACTCAAGCTCTCG 539  
DB 1472 AACGTAATTAATGAGATTAATGATGATGAGAGAAATTTAAAGAACTCAAGCTCTCG 1531  
QY 540 AATACAGCAATCAACAGATTAATCAACAGCTCTTAAATGAAATTTGATGAGAA 599  
DB 1532 AATGATTAACAG-----GATTTGAAA 1555  
QY 600 TGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAATTAATAACGCT 659

```

Db      1556 CGCTCATTTCAATTTTGTAAAGCAATATGCCAACAATCCAACTTCCACGTATGCACATT 1615
Qy      660 ATTAACCTATTATTTATGCGCAAGCTGCTAAATTTTCATTATTAATTTATTAACAAGGTGC 719
Db      1616 ATTAATTAAGTTGTAATACAGAAAGCTGCAAAATTTACATTTGAATTTATTAATCAAGGTGT 1675
Qy      720 TGAATGCGCTGATGAATGGAATGCAGATATACCTTCCAAATTTGAACCTAATGCTGC 779
Db      1676 ACAATTTGCGGATAAAGGAATGCAGATCAACCAATTCACAAAT-----GTGAA 1726
Qy      780 AACATCAGATGACATTAATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGTAATCTAATG 839
Db      1727 GTATCAGGTAATTTATTTATGCGAGCTATTTGTAATATTTGAAGAAATATTAATTTATTTG 1786
Qy      840 TGCAAATACCTTAAGAGAGAGACTTAAATPAACTTTGAAACGACCTAATATGAGATGAG 899
Db      1787 CACCAAGACATACCATTAAGAGATTGAATCACCTTAAAGAAATCAGAAAAATCACATGGGA 1846
Qy      900 TATATTTAATGATTAATGAAGATATATGACTATTAATCTATTAATTAATTAATTAATTAAT 959
Db      1847 TGTCTTAATACCATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTGATTTGATCTTGTGCGACCTTT 1906
Qy      960 TTTCTTTTATGATTAATTAAGAGATACAAAGATTCAATGGAAGAAATAGGTGCATTAAC 1019
Db      1907 TCCCTTTTATGATTAATGCTGCT-----TTCCAAAGAGAGATGAACT 1948
Qy      1020 TGAACCTTAACAAGAAAAATTAACACTGAATTAATTTTGACCGCTTACTTAACCTTGA 1079
Db      1949 AGAATTAACAAGAGAGGTTTATACAGTTTATGATCCACTGTTTAAATGCTGGCCAAAT 2008
Qy      1080 AATTCACCAATCTCGCTATATATGGAATTAATTTAACAGCTTCAGGGCTTAATTAATTT 1139
Db      2009 ACCGAAATATAGTTTCAATTGTTTGAAGATCAATTTAACAGCA---CCAGGGCTAAT 2065
Qy      1140 TTTCAATTTTATGATGAACCTTATATTTTATACAAAAAATGAACGTACGGGAATCGTTAGT 1199
Db      2066 TACTTGGCTGCAATATTTGATTTATACCGAAGAGTGTGCAAGAGCGATTTATTAATC 2125
Qy      1200 TGGTATTTGCAATGTAATGATCTACTTATGCTACGACAGAACTGAATATATATATG 1259
Db      2126 AGGATTTGAGAGCTAAATATATATACGTGT-----AATCAATTTTTTA 2169
Qy      1260 AGAAGAACAGGTCCACCCACAAACAACTTTAATACATTTGAATCTTAATTAAGTTTC 1319
Db      2170 CGATGAAAAAATATTTATGTAATCAATATGATTAAGTAACAGCTCATTAATTATAC 2229
Qy      1320 AATGTATCTGATGACAAATGACCTTCCCTTTCTTAACATATACCTTAACAAT 1379
Db      2230 CAGCGAATTTATCATCTCACTTAAGCATTAACCGTGTTTCAAAACATATAGCTGTATTA 2289
Qy      1380 TAATCAATTTGAACCTTAATTTAATTAATTCACCTAGTAATTAATTAATTAATTCAGCTGG 1439
Db      2290 ATTAAGTATATACAGTTTAATCAAAAAATGTAATCAACACTTTAAAAAGATATGAT 2349
Qy      1440 GGGGAATTTATCTAATGATTAAAAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTG 1499
Db      2350 ATCAAAAAAATTTTAATGTGATATCA-----AATGAACCTCAAGAAAC 2395
Qy      1500 TAAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTTACCAAGCATTAATAGTATATGCTATTTATC 1559
Db      2396 TACAAACATCTCTTAATGATTTATGTTGTTCAAAAGCCAAAAATTCAAACATTAATTAATC 2455
Qy      1560 CCAGTTTCTTATTTAATTAATTTCTATTAATTAATTTGATTAAGCTTAATATATATATATAC 1619
Db      2456 TCAATTTTCAATTAATCA-----CAACCAAGTAGAGTTTGTGATTTTCACTCAT 2509
Qy      1620 AGGTGATTAAGATGACACACAGTAGTGTTAATTAAGAAATATATGCAATATCAATTAAT 1679
Db      2510 AATTGCAATTAAGTTGACACACAAATAGTAACTCCCAAAATTTAATATCAGAAAGGT 2569
Qy      1680 AATTACATGATCCACGAATCAAAAGTAACAGTCTTGAATCAAACTTAAGTAAATGA 1739
Db      2570 GAGTACCAAAATCCCATTTGTTAAAGCTTACGAAGTTTACTACCAATTC---GTTATTAAG 2626

```

```

Qy      1740 AGGACCTGTCATATACAGAGAAAATTTGGTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTACAGAT 1799
Db      2627 AGGACCAAGTTTATACAGTGAAGATTAATATAGAACTTCGTATTAATTTCTATTAATTAATG 2686
Qy      1800 TACATGTAAGATCCCTTAATTTTACACAAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1859
Db      2687 TAAA-----GCTAGTCTTTTAAAAAAATACGTAATAGCTTAATTTTATGCTCAAA 2737
Qy      1860 TGTGTGTAAGAAATACCTTCTTAATATATCTCTTAACATATACAGAGATATAGAAATACC 1919
Db      2738 TAACGAATATAGCTGTATCAATAGACGTAGATTTCCGAGAGAGAGTCTATTTGAACC 2797
Qy      1920 ACCTCAACGATCAACAACAATTTTCTGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1979
Db      2798 TACCTTTTCAAGAAAGGAAACAAATATTTTCAATTCAGAC---CTTAACATTAAGGA 2854
Qy      1980 TTTTGGTATTTCCATTTCCAAATTCAGATACATTAACCTTTAATCGAAACATACAT 2039
Db      2855 TTTTCAATATCATACCTTTTATGTTGATATGAAATTAACCGAAAGTAAGAAATTCATAT 2914
Qy      2040 TATATTTAATCGTACAGATGATCAAAATTCAAATTTTAATCAATTAATTAATTAATTAAT 2099
Db      2915 CCATTTGAAGCGAGAGATGATTT---ATGAGAGGAGATGATTTCTTTAATTAATTAAT 2971
Qy      2100 ACCAATTAATCTCTCTGTAGCGCCAAATTAAGAAAAAACAATAATTAAGAAATTAATCAAAAC 2159
Db      2972 AGAGTTCAAACTATATAGATGAATAATTAATTAATGAATAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3031
Qy      2160 AAAAATTAATTAATTTTTCACAAATCAATCAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2219
Db      3032 AGCAATGAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3088
Qy      2220 CTATGATTAATTAATTAAT 2235
Db      3089 TTAATCAATTAATCAAA 3104

```

Search completed: December 21, 2005, 19:16:50  
 Job time : 1121.5 secs

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 12:33:37 ; Search time 362.944 Seconds  
(without alignments)  
10211.524 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085  
Sequence: 1 atgtgtcaagggaatacaca.....caactatgatgtatgtaa 2085

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1303057 seqs, 888780828 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2606114

Minimum DB seq length: 0  
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%  
Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database :

1: Issued Patents NA: \*  
2: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/1\_COMB.seq: \*  
3: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/6A\_COMB.seq: \*  
4: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/6B\_COMB.seq: \*  
5: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/H\_COMB.seq: \*  
6: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/PCTUS\_COMB.seq: \*  
7: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/PP\_COMB.seq: \*  
8: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/RE\_COMB.seq: \*  
9: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/backfile1.seq: \*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	331.4	15.9	3543	3	US-09-224-024-27
2	331.4	15.9	3543	6	PCT-US94-07902-27
3	158	7.6	2061	3	US-09-224-024-30
4	158	7.6	2061	6	PCT-US94-07902-30
5	92.6	4.4	3507	2	US-08-315-468-3
6	79.6	3.8	3444	2	US-08-349-867-22
7	79.6	3.8	3444	2	US-08-349-867-26
8	79.6	3.8	3444	2	US-08-239-476-22
9	79.6	3.8	3444	2	US-08-239-476-26
10	79.6	3.8	3444	2	US-08-598-305A-22
11	79.6	3.8	3444	2	US-08-598-305A-26
12	79.6	3.8	3444	2	US-08-639-923A-22
13	79.6	3.8	3444	2	US-08-639-923A-26
14	79.6	3.8	3444	6	PCT-US95-05431-22
15	79.6	3.8	3444	6	PCT-US95-05431-26
16	79.6	3.8	3450	2	US-08-349-867-20
17	79.6	3.8	3450	2	US-08-239-476-20
18	79.6	3.8	3450	2	US-08-598-305A-20
19	79.6	3.8	3450	2	US-08-639-923A-20
20	79.6	3.8	3450	6	PCT-US95-05431-20
21	79.6	3.8	3522	2	US-07-828-788A-9
22	79.6	3.8	3522	2	US-08-349-867-24
23	79.6	3.8	3522	2	US-08-349-867-28
24	79.6	3.8	3522	2	US-08-239-476-24

25	79.6	3.8	3522	2	US-08-239-476-28	Sequence 28, Appl
26	79.6	3.8	3522	2	US-08-356-034-7	Sequence 7, Appl
27	79.6	3.8	3522	2	US-08-598-305A-24	Sequence 24, Appl
28	79.6	3.8	3522	2	US-08-598-305A-28	Sequence 28, Appl
29	79.6	3.8	3522	2	US-08-639-923A-24	Sequence 24, Appl
30	79.6	3.8	3522	2	US-08-639-923A-28	Sequence 28, Appl
31	79.6	3.8	3522	3	US-08-993-691-7	Sequence 7, Appl
32	79.6	3.8	3522	3	US-09-178-252-5	Sequence 5, Appl
33	79.6	3.8	3522	3	US-09-521-344-7	Sequence 7, Appl
34	79.6	3.8	3522	3	US-09-826-660-5	Sequence 5, Appl
35	79.6	3.8	3522	3	US-09-837-961A-7	Sequence 7, Appl
36	79.6	3.8	3522	6	PCT-US92-11337-9	Sequence 9, Appl
37	79.6	3.8	3522	6	PCT-US95-05431-24	Sequence 24, Appl
38	79.6	3.8	3522	6	PCT-US95-05431-28	Sequence 28, Appl
39	79.6	3.8	3522	6	5188960-7	Patent No. 5188960
40	79.6	3.8	4020	6	PCT-US91-02560-1	Sequence 1, Appl
41	77.8	3.7	3504	3	US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl
42	77.8	3.7	3690	3	US-10-089-678-3	Sequence 3, Appl
43	77.2	3.7	1959	3	US-08-996-441B-13	Sequence 13, Appl
44	77.2	3.7	1959	3	US-08-993-722A-13	Sequence 13, Appl
45	77.2	3.7	1959	3	US-08-993-170A-13	Sequence 13, Appl

#### ALIGNMENTS

RESULT 1  
US-09-224-024-27  
; Sequence 27, Application US/09224024  
; Patent No. 6056953  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Leslie Hickle  
; APPLICANT: Jewel Payne  
; TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of  
; TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests  
; NUMBER OF SEQUENCES: 31  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSER: David R. Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: FL  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/09/224,024  
; FILING DATE:  
; CLASSIFICATION:  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: 08/856,226  
; FILING DATE:  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanchik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 904-375-8100  
; TELEFAX: 904-372-5800  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3543 base pairs  
; TYPE: nucleic acid  
; STRANDEDNESS: single  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; US-09-224-024-27  
; Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 3; Length 3543;  
; Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.3e-56;

Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;

```

Qy 499 TATTAACGCTATTACTTATTTATGCGACAGCTCTAATTTTCAATTAATTTA 558
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 604 TATTAACGCTATTACTTATTTATGCGACAGCTCTAATTTTCAATTAATTTA 663
Qy 559 CAACAAGCTGCTGATGCTGATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAA 618
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 664 AATCAACCCGCTCAATTTGAAAGCTAATTTAAAAAATCAATTCGATTTAGAG 723
Qy 619 CTTAATGCTGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 678
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 724 CTTGTCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 780
Qy 679 AGTAATCTTGTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 738
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 781 ACTAATCTTGTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Qy 739 ATGAGATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 798
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 841 AGTAATCTTGTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900
Qy 799 ATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 858
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 901 ACTGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 960
Qy 859 GGCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 918
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 961 GGTGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1013
Qy 919 ACTTACCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 978
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1014 AAGCCCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1073
Qy 979 CTGATTAATTTTCTTTATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1038
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1074 TTTATTAATTTCTGCTGATTAATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTT 1133
Qy 1039 AATCGTTAGTGTATTTGCAATTCGTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1097
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1134 TTTTTCACGACGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1193
Qy 1098 AATTATTAATGAGAAAGAAAGAGTCCACCAACAAACAACTTTAATACATTGATC 1157
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1194 TAGGTGTTTGGAAATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1253
Qy 1158 CTATAAGTTCAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1217
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1254 TATTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1313
Qy 1218 ATACTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1277
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1314 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1373
Qy 1278 ATATTACGCTGGGGGAAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1337
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1374 TACAGCAGGATCTGGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1433
Qy 1338 AAAAAAGCTGTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1397
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1434 TCTTAAACCAAGAGAAATCAAGCAATCCCTTCTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1493
Qy 1398 TCAATTTTATCCAGTTTCTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1457
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1494 TCAATTTTATCCAGTTTCTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1517
Qy 1458 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1517
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1539 TAAAACTCAAGTATAGTTGCTTGGACACACTAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1598
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Qy 1518 ATCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1577
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1599 TTATATCAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1658
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

Qy 1578 TAAGTAATTTGAAGGACCTGTCATACAGAGGAACTTGTTATTTACAAAGTCAAG 1637
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1659 TAAGTGTTCGAAGGACCTGTCATACAGAGGAACTTGTTATTTACAAAGTCAAG 1715
Qy 1638 GCGTTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1697
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1716 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1772
Qy 1698 ATAGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1757
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1773 TTAATGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1831
Qy 1758 AATAGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1817
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1832 --TAGCAGAACTGGGATAGGACCTGACCCCACTTTTCTGATAGATTAATTAATTAATTA 1889
Qy 1818 ACAATACGAGATTTTGGGATTTCCAAATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1877
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1890 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1949
Qy 1878 AATCATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1934
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1950 AATCATATCTTGTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2009
Qy 1935 TAAATTTGAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1994
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2010 TAAATTTGAATTTTCTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2069
Qy 1995 AGAACTATTCACAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2054
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2070 AGAACTATTCACAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2129
Qy 2055 TATAGAGCCACAACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2130 ATCAGAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2160

```

RESULT 2  
PCT-US94-07902-27  
Sequence 27, Application PC/TUS9407902  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road  
APPLICANT: City: San Diego  
APPLICANT: State/Province: California  
APPLICANT: Country: US  
APPLICANT: Postal code/zip: 92121  
APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991  
TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of  
NUMBER OF SEQUENCES: 31  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: David R. Saliwanichik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
CITY: Gainesville  
STATE: FL  
COUNTRY: USA  
ZIP: 32606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION:  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanichik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79

TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: 904-375-8100  
 TELEFAX: 904-372-5800  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 3543 base pairs  
 TYPE: nucleic acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 PCT-US94-07902-27

Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 6; Length 3543;  
 Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.3e-56;  
 Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;

499 TATATAAGCTATTAATCTATTTATGCGAGCTGTAATTTTCAATTAATTAATTA  
 604 TATATCACTAGTATTAATCTAGTTATGACAGAGCAATTAATCTGACTGATTA  
 653  
 559 CAACAGCTGCTGATGCTGATGATGAGATGAGATGATGATGATGATGATGATG  
 664 AATCAAGCCGCTCAATTTGAGGCTATTTAAAAACAATGCAATTCGATTTATGAG  
 723  
 619 CCTATGCTGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 724 CTTTGGC---ACAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 780  
 679 AGTAACTATTTGCAAAATCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG  
 781 ACTATATTTGTTGTAACATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA  
 840  
 739 ATGAGATGAGATATTTATGATTTATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT  
 841 AGTATCTGATGAGATATTTATGAGATGATGAGATGATGAGATGATGAGATGATGAG  
 900  
 799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT  
 901 ACTGCTATTTAGATCTGTTGCACTCTTCTTAATTTAGTATGATGATGATGATGATG  
 960  
 859 GGCATTTAACTGAACTTACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG  
 961 GGTGTCCATCTGAACTTACGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG  
 1013  
 919 ACTTACCTTGAATTAACCAATCTGCTATTAATGAGATGATGATGATGATGATGATG  
 1014 AAGCCCTATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1073  
 979 CTATGATTTATTTGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1074 TTTATTTACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT  
 1133  
 1039 AATGCTTTAGTGTATTTGCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT  
 1134 TTTTTCACAGCAATTAATTAATGTTTCTTACACACTGATTAATTAATTAATTAATTA  
 1193  
 1098 AATTATATGAG  
 1199 TAGGTGTTTGAATATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1253  
 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1254 TATTTATATTTTATTTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1313  
 1218 ATATCTTACATTTATCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT  
 1314 TATATTTAGTAAATGATTTTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1373  
 1278 ATATTCAGCTGGGGGAAATTTATCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1379 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG  
 1433  
 1338 AAAAAAGAGCTGAACCAATTTAATCAAAATGTTTACAGCTAATTAATGATTAAG 1397

1434 TCTTAAACGAAGAGAGATGAGCAATCCCTACCCCTTTTCAACATATGATTAATAG 1493  
 1398 TCAATTTTATCCAGATTTCTTATTTATTAATTTCTATTAATTAATGATTAAGGCTAA 1457  
 1494 TCAATTTTATCCATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1538  
 1458 TATATTAATATAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1517  
 1539 TAAATCTAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1598  
 1518 ATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1577  
 1599 TTTATGCAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1658  
 1578 TAAAGTATTTGAG 1637  
 1659 TAAAGTATTTGAG 1715  
 1638 GCGTTTATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1697  
 1716 ---TTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1772  
 1698 ATAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1757  
 1773 TTTATGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1831  
 1758 AATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1817  
 1832 --TAGCAG 1889  
 1818 AATAG 1877  
 1890 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1949  
 1878 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1934  
 1950 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2009  
 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1994  
 2010 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2069  
 1995 AGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2054  
 2070 AGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2129  
 2055 TATGAG 2085  
 2130 ATGAG 2160

RESULT 3  
 US-09-224-024-30  
 Sequence 30. Application US/09224024  
 Patent No. 6056953  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Jewel Hinkle  
 APPLICANT: Jewel Payne  
 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of  
 TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests  
 NUMBER OF SEQUENCES: 31  
 CORRESPONDENCE ADDRESSES:  
 ADDRESSEE: David R. Saliwanhik  
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 CITY: Gainesville  
 STATE: FL  
 COUNTRY: USA  
 ZIP: 32606  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 COMPUTER: IBM PC compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS





Db	1734	AATGATCTAATAAGTGTGGAGCTCCCTCAATACCACTTCGCCGAAAAAC-----C	1783
Qy	1802	CAAATTATTAATAATTTACAATACGAGACTTTTGSGTATTTCCAATTTCCAACTACAGT--	1859
Db	1784	CAAAATGCTACGATTTTAACATATACAGATTTTGGATATGAACATTTCCAAAGAACAGTTC	1843
Qy	1860	-----AACCTTACCCTTTAAATCGAAACATACCACTTATATTTTAAATCGTGCAGATGTAT	1912
Db	1844	CAAAATAAAACATTTGGAAGAGAACACTTTATTAATGACCTTATATGTGACACCAAAATC	1903
Qy	1913	CAAAATTCAAATTTTATCATCTGATATAAAATTGGAATTTATCCAAATTAATCTCTGTGAGCC	1972
Db	1904	ATTCATATTAATATATATATATGACAAAAATCGAATTTATTCCAATCACCTCAAACTGTGATTAG	1963
Qy	1973	AAAAATAGAAAAAAACAAAATTAGAACTATCCAAACAAAATAAATAATCATTTTTACAA	2032
Db	1964	ATTATACGAGAGCAAAATATATAGAAAAAACACAGAAATATGTGAATGATTTATTTGTTA	2023
Qy	2033	ATCATACAAAATAATCTTTAATATATAGA	2060
Db	2024	ATTAAACAAAGATCTTACTTAAATATAGA	2051

```

1 RESULT 4
2 PCT-US94-07902-30
3 Sequence 30 Application PC/TUS9407902
4 GENERAL INFORMATION:
5 APPLICANT:
6 APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
7 APPLICANT: City: San Diego
8 APPLICANT: State/Province: California
9 APPLICANT: Country: US
10 APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
11 APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619)453-6991
12 APPLICANT: Telex number:
13 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
14 NUMBER OF INVENTION: Calliphoridae Pests
15 NUMBER OF SEQUENCES: 31
16 CORRESPONDENCE ADDRESS:
17 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
18 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
19 CITY: Gainesville
20 STATE: FL
21 COUNTRY: USA
22 ZIP: 32606
23 COMPUTER READABLE FORM:
24 MEDIUM TYPE: Floppy disk
25 COMPUTER: IBM PC compatible
26 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
27 SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
28 CURRENT APPLICATION DATA:
29 APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
30 FILING DATE:
31 CLASSIFICATION:
32 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
33 NAME: Saliwanchik, David R.
34 REGISTRATION NUMBER: 31,794
35 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
36 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
37 TELEPHONE: 904-375-5800
38 TELEFAX: 904-372-5800
39 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 30:
40 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
41 LENGTH: 2061 base pairs
42 TYPE: nucleic acid
43 STRANDEDNESS: single
44 TOPOLOGY: linear
45 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
46 PCT-US94-07902-30

```

Query Match	7.6%;	Score 158;	DB 6;	Length 2061;
Best Local Similarity	48.3%;	Pred. No. 4.3e-22;		

OY	2	GTGTCAAGGAAATACCAATATAGTGATATTTCCGACATTTGGCTAGTCTGATACAA	61
Db	149	TGTGTCAAGATATCAACAAATATATGCAATATATCGGGGAATTTTGTATGTTCTGAAC	208
OY	62	TTGCTGACGTAGTGCAGGTACTATTTGTATCCGGTACTCTGTATACCGGTATAGTGGC	121
Db	209	TTGTTGGAGTTAGTGCAGGTATTTATTTGTATGATAGAACATATGTATGAGACTTTTCTG	268
OY	122	TCACCTTATATCCGACCCATAGGAATTAATAGTGTCTAATAATATCTTTTGTATACC	181
Db	269	-----CTGTCTTAGCTGACGGTATATATCTTTTGGACTT	304
OY	182	TATACACTGTCTTTTGGCCCGGGGAAACAAGCAAAACAGTATGACACAATTTATTA	241
Db	305	TGTTGCCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCTG---CAATGTTTGGCAGATTTGTTAA	361
OY	242	AAATGGAGAAATTTTGTGTGATACCCGTTAACAGAAAGCATATAAACAGTAAAGTTAC	301
Db	362	ACATCGAGGAGAGCCCTATACAGAAATATAGATAAAACATATATTAATGTAACCTT---	418
OY	302	AACTTTATGAAAGATTATGACAAATATTTACAAAGCTATTAATACGACATTTAGATGGA	361
Db	419	---CTATCGTACCTATATAAAAAATCACTGTATTAATATCAAGAAATTTTCCATTAAT	475
OY	362	GAAATTTAAAAAGACTCAAGCTCTCGATTTACCAACATCATCATTAACAACAGCTG	421
Db	476	GGAGCCAGCAGTACACAGCTTAATGTAAMGCAATG-CATGATCTCTTTATCACTTA	534
OY	422	CCTTGACTTTAAAAATACGATTTGAGAAATGTTCCAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTG	481
Db	535	GAACTTATTAATAGTAAAGATTATGATATGTTAAAA-----	571
OY	482	GTTTCCAACTGGAACCTTATTAACGCTATTTACTACCTATTTATGCGCAGCTGTAAT	541
Db	572	-----ATATGCTAGCTATGGAATACCAACATCTCCTGCAATAGCAAAATAGCTT	625
OY	542	TTCAATTTAAATTTATTAACAACAGGTGCTGAATTTGGCTGATGAATGGAATGCAATATAC	601
Db	626	GGCACTTGAATTTTATTAACATGCTGCTATCTTACAAATATATGCTGCAAAATCAAG	685
OY	602	ATCCTTCACAAATGGAACCTTAATGCTGGAAACATGAGATGATATTAATTAACCTTTAAAG	661
Db	686	GT-----ATTAATCCAGTACTTTCAATTTATCTTAATTAATCAACAGGCTATTTTAAAC	739
OY	662	AAATATATACCTAAATATATATGTAATCTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAAGCTAATAAAC	721
Db	740	GTAAATATACAGAAATATATATGATATATGTAATGTAACAAAGTAAAGCAAGCACTAATGTA	799
OY	722	TTGCAAAAGAACTTAATATGATAGATGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATATGACTA	781
Db	800	TTAGAACTTAATATACAGCAACAGGAATATGTAATATACCTTAACCTTTAGAAATGACTC	859
OY	782	TTACTGTATTAAGTACTATGCTCAATTTTCTTTTGTATGATTAAGATTAAGATAAAAGT	841
Db	860	TAACTGTATTAAGTACTATGCTCAATTTTCTTTTGTATGATTAAGATTAAGATAAAAGT	911
OY	842	CAATAGGAAGATAGTGGCATTAATAAATCTGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAA	901
Db	912	-----TCCATATGAGAGTATAAATCTGAACTTTACAGAGAAATTTATACAGATGTTA	961
OY	902	TAAATTTTGAACCGTCTTACTTACTTGAAATTCAAACCAATCTGGCTATATAGAAATTA	961
Db	962	-----ATTCAGATACCTTTTGAACCACTAACAGAACTAGAA	997
OY	962	ATTTAACAGTTCAGGCTTAGATTAATTTTCATTTTATAGATGAACCTTATATTTATACA	1021
Db	998	ATGATTAATACAGAAATCTCACTTAATTTACTTGATTAACCAAGGCGGCTTTTATACAA	1057
OY	1022	AAATATGAAAGTACAGGAATGCTTATAGTGTATTTGGAATCGTATATAGATCTACTATAG	1081
Db	1058	GAAATTTCTGAGACATTCCTGATCTTATGATATATTTTTTTCTTTTACAGTATACAGATAG	1117



QY 1082 CTACGACGAGAACTGAAATTTATATATGAGAAAGAACGCTCCACCAACAAAATT 1141  
 DB 1118 CTTTACACATACATTAAGATGATGCAACAATCTGGGGAGCGCTTCATGACATATTA 1177  
 QY 1142 TAATACATTTGAATCCATTAAGTTTCAATTTGTAATGATGACAGTAACCTTACTT 1201  
 DB 1178 TTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAACAAACCTATGATAGAGTGG 1237  
 QY 1202 CCCCTTTCTTAATATATATCTTTACAAATTAATCAATTTGAACCTTATTTAAATTTT 1261  
 DB 1238 AAATGTGACAGATAGAGAGTACTCAGATTAATATATGAAATGATATTTTTTTCGATA 1297  
 QY 1262 CTGATTAATTAATTAACATTTTACGCTGGGGGAAATTAATCTAATGATGATTAACAA 1321  
 DB 1298 GCAGTGAAGTATTTGATTTTCATCCATTCACAAATGAAATAAATTAATAAAGAACTG 1357  
 QY 1322 ATTTTCATTTCCGTGTAATAAAGACGTGAACCAATTTAATCCAAATTTGTTTACCA 1381  
 DB 1358 ATTTCTATATGATTTCCAAACCAATGAAATAAATGAAATGATGATCTATGCT 1417  
 QY 1382 GCTATAATAGTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATTAATTTCTATAAA 1441  
 DB 1418 ATATATAAATCTGATTAATATATATTTTC----- 1445  
 QY 1442 TTGGATTAGCGCTTAATATATATATATACAGGTGATTAAGATGACACAGATAGCTTA 1501  
 DB 1446 -----AGATGTTAGAGAAAGAAAGAGTGTGATTTAGTGAACATACATAGTGTG 1498  
 QY 1502 ATGAAATAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTAATGATCCAGCAATCAAGGTGACA 1561  
 DB 1499 ATTTCCAAATATCATATGATTTAGATTAATCATCAATCCAAATCCAGCTCTTAAGCTTTGA 1558  
 QY 1562 GCTCTGATACAACTCTAAGGTAAATTAAGAGACCTGTGCTATACAGAGAACTTGTGTT 1621  
 DB 1559 AGGTAACTTGTGATTCGAAATGTAAGAGTCTGTGTCACAGGTGAGAGACTGTGTA 1618  
 QY 1622 ATTTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTTACATGTAAGAACTCTTAATTTTACACATCTT 1681  
 DB 1619 TTCTTAAGATAGTATGATTAAGATTTTAAAGATTTTAAATAATGTTTCTGACAAAT--- 1675  
 QY 1682 ATTAACATTAAGCTGATGATGATGCTCAAAATGAGTGTGAAATTAATCTCTAATATATCTC 1741  
 DB 1676 ATCAAGTACGATATTCGTTATGCTATGCTCAAGACAAACGTA--TTCTTAACCGG 1733  
 QY 1742 TTACAAATACAGAGATTAATGAAATACACCTCAACGATCAACACTTTTCTGTA 1801  
 DB 1734 AATAGATACATTAAGTGTGAGCTCCCTAGTACCACTTCCGCAAAAC-----C 1783  
 QY 1802 CAATTTATTAATTTCAATACGGAATTTGGGTAATTTCAATTTTCCAAATGACGT-- 1859  
 DB 1784 CAATGCTACAGATTTTAAATGCAATTTTGGATATGTAACATTTTCCAAAGACAGTTTC 1843  
 QY 1860 -----ACATTAACCTTTAAATGAAACATACCATTTATTTAATCGGCGAGATGAT 1912  
 DB 1844 CAATTAACATTTGGAAGAGAGACACTTATTAAGACCTTAATGATGATGACCAATC 1903  
 QY 1913 CAATTCATTTTAAATGATGATTAATTAATGATTAATCAATTTTCTGTAAGCC 1972  
 DB 1904 ATTCATTAATTAATTAATTAATGACAAATGCAATTTTATTCGATACATCTGATTTAG 1963  
 QY 1973 AAAATAGAGAAAAAAAATTTAGAACTATCCAAACAAAATTAATTAATTTTTCACAA 2032  
 DB 1964 AATTAATAGAGAGAAAAATTAAGAAAAACAGAAAAATGTAATGATTTATTTGTA 2023  
 QY 2033 ATCATACAAAAAATCTTTAATATAGA 2060  
 DB 2024 ATTAACCAAGTTCTTACTTAATAATAGA 2051

RESULT 5  
 US-08-315-468-3  
 ; Sequence 3, Application US/08315468  
 ; Patent No. 5534534

; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Michaels, Tracy Ellis  
 ; APPLICANT: Foncerra, Luis  
 ; APPLICANT: Narva, Kenneth E.  
 ; TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Scarab Pests  
 ; TITLE OF INVENTION: with Bacillus thuringiensis Isolates  
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 6  
 ; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
 ; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 ; CITY: Gainesville  
 ; STATE: FL  
 ; COUNTRY: USA  
 ; ZIP: 32606  
 ; COMPUTER READABLE FORM:  
 ; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 ; OPERATING SYSTEM: IBM PC compatible  
 ; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
 ; CURRENT APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: US/08/315,468  
 ; FILING DATE:  
 ; CLASSIFICATION: 424  
 ; PRIORITY APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: US/08/014,941  
 ; FILING DATE: 01 FEB 1993  
 ; APPLICATION NUMBER: 07/828,430  
 ; FILING DATE: 30-JAN-1992  
 ; PRIORITY APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: 07/808,316  
 ; FILING DATE: 16-DEC-1991  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME: Saliwanchik, David R.  
 ; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA73.C2  
 ; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 ; TELEPHONE: 904-375-8100  
 ; TELEFAX: 904-372-5800  
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:  
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 ; LENGTH: 3507 base pairs  
 ; TYPE: nucleic acid  
 ; STRANDEDNESS: double  
 ; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 ; HYPOTHEICAL: NO  
 ; ANTI-SENSE: NO  
 ; ORIGINAL SOURCE:  
 ; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
 ; STRAIN: kumamotoensis  
 ; INDIVIDUAL ISOLATE: 50C  
 ; IMMEDIATE SOURCE:  
 ; LIBRARY: LambdaGem-11(cw) library of L. Foncerra  
 ; CLONE: 50C(b)  
 ; US-08-315-468-3

Query Match 4.4%; Score 92.6; DB 2; Length 3507;  
 Best Local Similarity 44.7%; Pred. No. 3.5e-09;  
 Matches 683; Conservative 0; Mismatches 784; Indels 60; Gaps 6;  
 QY 429 TCTTAATAATGAGATTGAGAAATGTCACAAATGATTTTATTTGAGAAATACCTGGTTTCCA 488  
 DB 504 TGTTCCAAATTCGATTTGAAATCCTGATAGTATTAATTAAGCAATATATATGCAATCTTTGCG 563  
 QY 489 ACTTGAACCTTAATAACGCTATTAATCTATTTATTTGCGCAAGCTTAATTTGCAATT 548  
 DB 564 AGTGAACAATTTTGAAGTACCATTTCTTAAGATATTAACAAATGCGCAAAACCTTACATTT 623  
 QY 549 AAATTTATTAACAACAGTGTGTAATTTGGCTGATGAAATGCAATATATACATCTTC 608  
 DB 624 ACTTTTATTAAGGAGCATCAATTTTGGAGAGAAATG----- 663  
 QY 609 ACAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAATGATGATTAATACTTTTAAAGAAATAT 668



QY 556 TTACAAAGAGTGTCTGAATTGCTGATGATGAAATGACATATACCTTCACAAATT 615  
DB 508 TTAAAGAACGCTGTATGCTTTGGACAGGCTTGAGATTAAGCTACTGTTAAATAAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGACTATTAATTAACCTTTAAAGAAAATATACCTAAA 675  
DB 568 C-----ATTATTAATGATTTAATAATCTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATAAATTCGAAACGAACCT 735  
DB 601 TATACGAAACATTTGTTGACACATACATCAAGATTAAGAAAATTAAGAGTACTAAT 660  
QY 736 AATATGAGTGAAGTATATTAATGATTAATGAAAGATATAGCTATTAATGAT 795  
DB 661 ACTCGACATGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTTAAACACTTACTGATTAAGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAAGAGATA 833  
DB 721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACCTACGATGTTAGAACATA 758

## RESULT 7

US-08-349-867-26  
; Sequence 26, Application US/08349867  
; Patent No. 5508264  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Bradfisch, Gregory A.  
; APPLICANT: Thompson, Mark  
; APPLICANT: Schwab, George E.  
; TITLE OF INVENTION: No. 5508264el Pesticidal Compositions  
; NUMBER OF SEQUENCES: 34  
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:  
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: FL  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/349,867  
; FILING DATE:  
; CLASSIFICATION: 514  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanchik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 904-375-8100  
; TELEFAX: 904-372-5800  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3444 base pairs  
; TYPE: nucleic acid  
; STRANDEDNESS: single  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; US-08-349-867-26

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;

Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATACGATTTGAGAAATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCACTTGAA 495  
DB 388 ATTCGATTTGCTATATACGAGCGCTTTAATAACAGAAATTAATTTTACACTTACA 447  
QY 496 ACTTATAAAGCATTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTA 555

DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTTATGCTGTATGTTCAAGCGCGAATTTACATTTATACATA 507  
QY 556 TTACAAAGAGTGTCTGAATTGCTGATGATGAAATGACATATACCTTCACAAATT 615  
DB 508 TTAAAGAACGCTGTATGCTTTGGACAGGCTTGAGATTAAGCTACTGTTAAATAAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGACTATTAATTAACCTTTAAAGAAAATATACCTAAA 675  
DB 568 C-----ATTATTAATGATTTAATAATCTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATAAATTCGAAACGAACCT 735  
DB 601 TATACGAAACATTTGTTGACACATACATCAAGATTTAGAAAATTAAGAGTACTAAT 660  
QY 736 AATATGAGTGAAGTATATTAATGATTAATGAAAGATATAGCTATTAATGAT 795  
DB 661 ACTCGACATGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTTAAACACTTACTGATTAAGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAAGAGATA 833  
DB 721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACCTACGATGTTAGAACATA 758

## RESULT 8

US-08-239-476-22  
; Sequence 22, Application US/08239476  
; Patent No. 5527883  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Thompson, Mark  
; APPLICANT: Schwab, George E.  
; TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
; TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
; NUMBER OF SEQUENCES: 34  
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:  
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: Florida  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/239,476  
; FILING DATE:  
; CLASSIFICATION: 435  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanchik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: (904) 372-5800  
; TELEFAX: (904) 375-8100  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3444 base pairs  
; TYPE: nucleic acid  
; STRANDEDNESS: single  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; US-08-239-476-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;

Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATACGATTTGAGAAATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCACTTGAA 495  
DB 388 ATTCGATTTGCTATATACGAGCGCTTTAATAACGCAATTAATTTTACACTTACA 447

Oy	496	CTTATATAAAGCCCTATTACCTATTATGCGCAAGCGCTAATTTTCAATTAATTA	5555
Db	448	AGTTTGAATCCCTCTTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGCAATTTACATTAATCACTA	5077
Oy	556	TTACAACAAGGCTGCTGAATTTGGCTGATGATGAATGCAATGACATATACATCCTTCAAAAT	6155
Db	508	TTAAGAAGGCGTGTATGCTTTTGGCAGGGTTGGGAGCTGATATAGTACTGTATTAAT	5677
Oy	616	GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACTATATATAAATTTTAAAGAAATATACCTAAA	6755
Db	568	C-----ATTATATAATGATTAATTAATCTTATTCATAGA	6000
Oy	676	TATAGTAATATTGTCGAATATACCTATAGAAGAGACTAATATACTTGGAAACGAACCT	7355
Db	601	TATAGAAACATTTGTTTGACACATTCACATCAAGGATTGAAAACTTAAGAGGTACTAAT	6660
Oy	736	AATAGAGATGGAGATATTTTAATGATTTATCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTAAGAT	7955
Db	661	ACTGCACATGGGCAAGATTCAATCGATTGAGAGGATTTAAACACTACTGTAATTAAGAT	7200
Oy	796	ACTATGCGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGAGATA	8333
Db	721	ATCGTGGCTCTTTTCCGAACTACGATGTGTAAGACATA	7588

RESULT 9  
 US-08-239-476-26  
 Sequence 26, Application US/08239476  
 Patent No. 552783  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: Thompson, Mark  
 APPLICANT: Schwab, George E.  
 TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Bndotoxin Expression in  
 TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
 NUMBER OF SEQUENCES: 34  
 CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 CITY: Gainesville  
 STATE: Florida  
 COUNTRY: USA  
 ZIP: 32606  
 COMPUTER READABLE FORM:  
 MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 COMPUTER: IBM PC compatible  
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25  
 CURRENT APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/239,476  
 FILING DATE:  
 CLASSIFICATION: 435  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Saliwanchik, David R.  
 REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA3  
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: (904) 375-8100  
 TELEFAX: (904) 372-5800  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 3444 base pairs  
 TYPE: nucleic acid  
 STRANDEDNESS: single  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 US-08-239-476-26

```

Query Match      3 8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matched 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1.

QY      436 ATACAGTTGAGAGCTGCACAAATATTTATTCCGAAATCCGCTTCCAACTTGA 495
|||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||

```

Db	388	ATTCGATTGTGTAATAACAGAGAGCGCTTAATAACAGCAATAAATAATTTTACACTTAC	447
Qy	496	ACTTAATAAAGCCTATCTACTACCTATTTATGCGGCAAGCTGCTAATTTTCAATTA	555
Db	448	AGTTTGGAAATCCCTCTTTTATCGGCTATGTTCAAGCGCGCAATTTACATTTATCACTA	507
Qy	556	TTACACACAGGTCGTGAATTTGGCTGATGAATGGAATGCGAGATATACATCTTCACAAAT	615
Db	508	TTAAGAGCGCGCTGATTCGTTTGGGCAAGGTTGGGACGTGAATATGCTACTGTTAAAT	567
Qy	616	GAACCTAATGCTGAACATCAGATGACTATTTTAAACTTTTAAAGAAATAATACCTTAA	675
Db	568	C-----ATTATTAATAGATTATTAATCTTATCTATAGA	600
Qy	676	TATAGTAACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACTAATAATAACTTGAAACGAACCT	735
Db	601	TATAGAAACAATTTGTTGGACATACATCAAGATTTAGAAAATTAGAGTACTAAT	660
Qy	736	AATATGAGATGGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATATGACTATTACTGTATTAGAT	795
Db	661	ACTCGACAAATGGCAAGATTCATCAGTTTACAGAGATTTAAACCTTACTGATTAGAT	720
Qy	796	ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATTAATAAGAGATA	833
Db	721	ATCGTGCCTTTTTCGCACTACAGATGTTAACAATA	758

```

10      RESULT 10
11      US-08-598-305A-22
12      / Sequence 22, Application US/08598305A
13      / Patent No. 5827514
14      / GENERAL INFORMATION:
15      / APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.
16      / APPLICANT: THOMPSON, Mark
17      / APPLICANT: SCHWAB, George E.
18      / TITLE OR INVENTION: No. 5827514el Pesticidal Compositions
19      / NUMBER OF SEQUENCES: 38
20      / CORRESPONDENCE ADDRESS:
21      / ADDRESSEE: Saliwanichik, Lloyd & Saliwanichik
22      / STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
23      / CITY: Gainesville
24      / STATE: FL
25      / COUNTRY: USA
26      / ZIP: 32606-6669
27      / COMPUTER READABLE FORM:
28      / MEDIUM TYPE: Floppy disk
29      / COMPUTER: IBM PC compatible
30      / OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
31      / SOFTWARE: PatentIn
32      / CURRENT APPLICATION DATA:
33      / APPLICATION NUMBER: US/08/598,305A
34      / FILING DATE: 08-FEB-1996
35      / CLASSIFICATION: 514
36      / PRIOR APPLICATION DATA:
37      / APPLICATION NUMBER: US 08/349,867
38      / FILING DATE: 06-DEC-1994
39      / CLASSIFICATION: 514
40      / ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
41      / NAME: Sanders, Jay M.
42      / REGISTRATION NUMBER: 39,355
43      / REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86.D1
44      / TELECOMMUNICATION INFORMATION:
45      / TELEPHONE: 352-375-8100
46      / TELEFAX: 352-372-5800
47      / INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
48      / SEQUENCE CHARACTERISTICS:
49      / LENGTH: 3444 base pairs
50      / TYPE: nucleic acid
51      / STRANDEDNESS: single
52      / TOPOLOGY: linear
53      / MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
54      / US-08-598-305A-22

```

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; US-08-598-305A-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

436 ATACGATTGAGATGTTCAAGATGATTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGA 495  
438 ATTCGATTGCTATACAGACGCTTTATTAACGCAATTAATTAATTTACCTTACA 447  
496 ACTTATTAACGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTTA 555  
448 AGTTTGAATCCCTCTTTATATGGCTATGTTCAAGCGGAGATTTACATTTACCTA 507  
556 TTACACAAAGTGTGAATGGCTGATGATGAAATGCAATATACATCTTCAAAATT 615  
508 TTAAAGACGCTGATGCTTTGGCAGGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTGTTAAAT 567  
616 GAACCTAATGCTGAACATGATGATCTATTATTAACCTTTAAAGAAATATCTTAA 675  
568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATCTTATTCATAGA 600  
676 TATAGTACTATTGTGCAATACCTATAGAGAGAACTAAATTAACCTCGAAAGAACT 735  
601 TATACGAAACATGTTTGGACATACATGACAGATTAAGAACTTAAGAGCTAAT 660  
736 AATATGAGATGAGTATTTAATGATTATCGAAATATATGATCTATTCTGTTAGAT 795  
661 ACTGCAATAGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTTAAACACTGATGTTAGAT 720  
796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATA 833  
721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACATGATGTTAAGACATA 758

RESULT 11  
US-08-598-305A-26  
; Sequence 26 Application US/08598305A  
; Patent No. 5827514  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.  
; APPLICANT: THOMPSON, Mark  
; APPLICANT: SCHWAB, George B.  
; TITLE OF INVENTION: No 5827514e1 Pesticidal Compositions  
; NUMBER OF SEQUENCES: 38  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: Saliwanchik, Lloyd & Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: FL  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606-6669  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: PatentIn  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/598.305A  
; FILING DATE: 08-FEB-1996  
; CLASSIFICATION: 514  
; FILING DATE: 06-DEC-1994  
; APPLICATION NUMBER: US 08/349,867  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; CLASSIFICATION: 514  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Sanders, Jay M.  
; REGISTRATION NUMBER: 39,355  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 352-375-8100  
; TELEFAX: 352-372-5800  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3444 base pairs

TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
US-08-598-305A-26

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

436 ATACGATTGAGATGTTCAAGATGATTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGA 495  
438 ATTCGATTGCTATACAGACGCTTTATTAACGCAATTAATTAATTTACCTTACA 447  
496 ACTTATTAACGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTTA 555  
448 AGTTTGAATCCCTCTTTATATGGCTATGTTCAAGCGGAGATTTACATTTACCTA 507  
556 TTACACAAAGTGTGAATGGCTGATGATGAAATGCAATATACATCTTCAAAATT 615  
508 TTAAAGACGCTGATGCTTTGGCAGGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTGTTAAAT 567  
616 GAACCTAATGCTGAACATGATGATCTATTATTAACCTTTTAAAGAAATATCTTAA 675  
568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATCTTATTCATAGA 600  
676 TATAGTACTATTGTGCAATACCTATAGAGAGAACTAAATTAACCTCGAAAGAACT 735  
601 TATACGAAACATGTTTGGACATACATGACAGATTAAGAACTTAAGAGCTAAT 660  
736 AATATGAGATGAGTATTTAATGATTATTCGAAATATATGATCTATTCTGTTAGAT 795  
661 ACTGCAATAGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTTAAACACTGATGTTAGAT 720  
796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATA 833  
721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACATGATGTTAAGACATA 758

RESULT 12  
US-08-639-923A-22  
; Sequence 22 Application US/0863923A  
; Patent No. 5840554  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Thompson, Mark  
; APPLICANT: Schwab, George B.  
; TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
; TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
; NUMBER OF SEQUENCES: 38  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: Florida  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/639,923A  
; FILING DATE: 24-Apr-1996  
; CLASSIFICATION: 435  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US 08/239,476  
; FILING DATE: 06-MAY-1994  
; CLASSIFICATION: 435  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanchik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83.D1

TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (904) 375-8100  
TELEFAX: (904) 372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3444 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
US-08-639-923A-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATACGATTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAA 495  
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGCGTTTAAACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447  
QY 496 ACTATTAACGCTATCTACTATCTATTTATGCGAGCTGCTATTTTCAATTAATTA 555  
DB 448 AGTTTAAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGCAATTTACATTATCACTA 507  
QY 556 TTACACAGAGTGTGATGATGCTGATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 615  
DB 508 TTAAAGACGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 675  
DB 568 C-----ATTATATGATTAATTAATCTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATAGTACTATTGTCGAATATCTATAGAGAGAGATTAATTAATCTCGAAAGAACT 735  
DB 601 TATACGAACATGTTTGGACATACATCAATCAAGATTAAGAACTTAAGAGTACTAAT 660  
QY 736 AATATGATGAGATGATTAATGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 795  
DB 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTCATCACTTTAGAGAGATTTTAACACTTACTGTTAGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAATTAAGAGATA 833  
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTTGAACATA 758

## RESULT 13

US-08-639-923A-26  
Sequence 26, Application US/08639923A  
Patent No. 5840554  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Thompson, Mark  
APPLICANT: Schwab, George E.  
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
NUMBER OF SEQUENCES: 38  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
CITY: Gainesville  
STATE: Florida  
COUNTRY: USA  
ZIP: 32606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08/639,923A  
FILING DATE: 24-APR-1996  
CLASSIFICATION: 435  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US 08/239,476

FILING DATE: 06-MAY-1994  
CLASSIFICATION: 435  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83-D1  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (904) 375-8100  
TELEFAX: (904) 372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3444 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
US-08-639-923A-26

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATACGATTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAA 495  
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGCGTTTAAACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447  
QY 496 ACTATTAACGCTATCTACTATCTATTTATGCGAGCTGCTATTTTCAATTAATTA 555  
DB 448 AGTTTAAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGCAATTTACATTATCACTA 507  
QY 556 TTACACAGAGTGTGATGATGCTGATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 615  
DB 508 TTAAAGACGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 675  
DB 568 C-----ATTATATGATTAATTAATCTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATAGTACTATTGTCGAATATCTATAGAGAGAGATTAATTAATCTCGAAAGAACT 735  
DB 601 TATACGAACATGTTTGGACATACATCAATCAAGATTAAGAACTTAAGAGTACTAAT 660  
QY 736 AATATGATGAGATGATTAATGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 795  
DB 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTCATCACTTTAGAGAGATTTTAACACTTACTGTTAGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAATTAAGAGATA 833  
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTTGAACATA 758

## RESULT 14

PCT-US95-05431-22  
Sequence 22, Application PC/TUS9505431  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT:  
APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive  
APPLICANT: City: San Diego  
APPLICANT: State/Province: California  
APPLICANT: Country: US  
APPLICANT: Postal code/Zip: 92121  
APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030  
APPLICANT: Fax number: (619) 453-6991  
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
NUMBER OF SEQUENCES: 34  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
CITY: Gainesville  
STATE: Florida  
COUNTRY: USA  
ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION:  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (904) 375-8100  
TELEFAX: (904) 372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3444 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
PCT-US95-05431-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;  
Best local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATAGATTTGAGATGTTCAAGATTTTATTCGAGAAATCTGTTCCAACTTGA 495  
DB 388 ATTCGATTTCTATATACAGACGCTTAAATACCAATTAATATTTTACCTTACA 447  
QY 496 ACTTATTAACGCTATTACTATCTATTATTCGCGACGCTGCTATTTTCAATTA 555  
DB 448 AGTTTGAAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGCGAATTTACCTTTATCACTA 507  
QY 556 TTACAACAAGTGCTGATTTGCGTATGTAATGCAATCAATATATACCTTCACAAT 615  
DB 508 TTAAGAGACGCTGATGTTTGGGCAAGGTTGGGAGCTGATATAGCTATGTTAAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAATCAGATGATCTATTAATCTTTTAAAGAAATATACCTTAA 675  
DB 568 C-----ATTATATATGATTAATTAATCTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAGCAATAATTAACCTTGAACGAACT 735  
DB 601 TATACGAAACATTTGTTTGACATACATCAAGGATTTAGAACTTAAGGCTAAT 660  
QY 736 AATATGAGATGAGATATTTATGATTAATGAGATATATGACTTACTGTTATGAT 795  
DB 661 ACTGCAATGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTTAACCTTACTGTTATGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833  
DB 721 ATGTTGCTCTTTTCCGAATCAGATGTTAGAACATA 758

RESULT 15  
PCT-US95-05431-26  
Sequence 26, Application PC/TUS9505431  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT:  
APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive  
APPLICANT: City: San Diego  
APPLICANT: State/Province: California  
APPLICANT: Country: US  
APPLICANT: Postal code/Zip: 92121  
APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991  
APPLICANT: Telex number:  
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in  
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens  
NUMBER OF SEQUENCES: 34

CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
City: Gainesville  
STATE: Florida  
COUNTRY: USA  
ZIP: 32606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION:  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (904) 375-8100  
TELEFAX: (904) 372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3444 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: single  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
PCT-US95-05431-26

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;  
Best local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATAGATTTGAGATGTTCAAGATTTTATTCGAGAAATCTGTTCCAACTTGA 495  
DB 388 ATTCGATTTCTATATACAGACGCTTAAATACCAATTAATATTTTACCTTACA 447  
QY 496 ACTTATTAACGCTATTACTATCTATTATTCGCGACGCTGCTATTTTCAATTA 555  
DB 448 AGTTTGAAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGCGAATTTACCTTTATCACTA 507  
QY 556 TTACAACAAGTGCTGATTTGCGTATGTAATGCAATCAATATATACCTTCACAAT 615  
DB 508 TTAAGAGACGCTGATGTTTGGGCAAGGTTGGGAGCTGATATAGCTATGTTAAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAATCAGATGATCTATTAATCTTTTAAAGAAATATACCTTAA 675  
DB 568 C-----ATTATATATGATTAATTAATCTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAGCAATAATTAACCTTGAACGAACT 735  
DB 601 TATACGAAACATTTGTTTGACATACATCAAGGATTTAGAACTTAAGGCTAAT 660  
QY 736 AATATGAGATGAGATATTTATGATTAATGAGATATATGACTTACTGTTATGAT 795  
DB 661 ACTGCAATGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTTAACCTTACTGTTATGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833  
DB 721 ATGTTGCTCTTTTCCGAATCAGATGTTAGAACATA 758

Search completed: December 22, 2005, 00:15:08  
Job time: 372.944 secs



GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 19:17:12 ; Search time 250.49 Seconds  
(without alignments)  
4319.624 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085  
Sequence: 1 atgtgcgaaggaatgatacaca.....caacatgatattgattaa 2085

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4168288 seqs, 259477437 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 8336576

Minimum DB seq length: 0  
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%  
Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database :

Published Applications NA New:\*  
1: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US06\_NEW\_PUB.seq:\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US07\_NEW\_PUB.seq:\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US07\_NEW\_PUB.seq:\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/PCT\_NEW\_PUB.seq:\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US09\_NEW\_PUB.seq:\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US10\_NEW\_PUB.seq:\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB.seq:\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB.seq:\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US60\_NEW\_PUB.seq:\*  
10: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US60\_NEW\_PUB.seq:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	75.6	3.6	1959	US-11-192-801-1	Sequence 1, Appl1
2	72.4	3.5	1959	US-11-192-801-3	Sequence 3, Appl1
3	71.8	3.4	171486	US-11-121-086-105	Sequence 105, App
4	71.4	3.4	173602	US-11-121-086-25	Sequence 25, Appl
5	65	3.1	139054	US-11-121-086-96	Sequence 96, Appl
6	63.8	3.1	171486	US-11-121-086-105	Sequence 105, App
7	61.8	3.0	173602	US-11-121-086-25	Sequence 25, Appl
8	60.8	2.9	139054	US-11-121-086-96	Sequence 96, Appl
9	59.4	2.8	158692	US-11-121-086-30	Sequence 30, Appl
10	58.6	2.8	2031	US-11-058-727-51	Sequence 51, Appl
11	58.6	2.8	2031	US-11-058-727-83	Sequence 83, Appl
12	58.6	2.8	2031	US-11-108-389-51	Sequence 51, Appl
13	58.6	2.8	2031	US-11-108-389-83	Sequence 83, Appl
14	57.4	2.8	2028	US-11-058-727-39	Sequence 39, Appl
15	57.4	2.8	2028	US-11-058-727-71	Sequence 71, Appl
16	57.4	2.8	2028	US-11-108-389-39	Sequence 39, Appl
17	57.4	2.8	2028	US-11-108-389-71	Sequence 71, Appl
18	57	2.7	48979	US-10-995-561-13443	Sequence 13443, A
19	56	2.7	2022	US-11-058-727-13	Sequence 13, Appl
20	56	2.7	2022	US-11-108-389-13	Sequence 13, Appl
21	56	2.7	3633	US-11-058-727-3	Sequence 3, Appl1
22	56	2.7	3633	US-11-108-389-3	Sequence 3, Appl1
23	56	2.7	6613	US-11-058-727-18	Sequence 18, Appl

24	56	2.7	6613	7	US-11-108-389-18	Sequence 18, Appl
25	55.8	2.7	1819	6	US-10-750-185-29496	Sequence 29496, A
26	55.8	2.7	2025	7	US-11-058-727-41	Sequence 41, Appl
27	55.8	2.7	2025	7	US-11-058-727-73	Sequence 73, Appl
28	55.8	2.7	2025	7	US-11-108-389-41	Sequence 41, Appl
29	55.8	2.7	2025	7	US-11-108-389-73	Sequence 73, Appl
30	55.4	2.7	26772	6	US-10-995-561-13313	Sequence 13313, A
31	55.4	2.7	54946	6	US-10-995-561-13419	Sequence 13419, A
32	55.4	2.7	184868	7	US-11-121-086-88	Sequence 88, Appl
33	54	2.6	103931	7	US-11-117-187-193	Sequence 193, App
34	53.8	2.6	2019	7	US-11-058-727-55	Sequence 55, Appl
35	53.8	2.6	2019	7	US-11-058-727-59	Sequence 59, Appl
36	53.8	2.6	2019	7	US-11-058-727-87	Sequence 87, Appl
37	53.8	2.6	2019	7	US-11-058-727-91	Sequence 91, Appl
38	53.8	2.6	2019	7	US-11-108-389-55	Sequence 55, Appl
39	53.8	2.6	2019	7	US-11-108-389-59	Sequence 59, Appl
40	53.8	2.6	2019	7	US-11-108-389-87	Sequence 87, Appl
41	53.8	2.6	2019	7	US-11-108-389-91	Sequence 91, Appl
42	53.8	2.6	47444	6	US-10-995-561-13354	Sequence 13354, A
43	53	2.5	2022	7	US-11-058-727-49	Sequence 49, Appl
44	53	2.5	2022	7	US-11-058-727-81	Sequence 81, Appl
45	53	2.5	2022	7	US-11-108-389-49	Sequence 49, Appl

#### ALIGNMENTS

RESULT 1  
US-11-192-801-1  
Sequence 1, Application US/11192801  
Publication No. US20050273882A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Romano, Charles P.  
TITLE OF INVENTION: Improved Expression of Cry3Bb Insecticidal Protein in Plants  
FILE REFERENCE: 38-21(115104) Cry3Bb Improved Exp. Corn  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/192,801  
CURRENT FILING DATE: 2005-07-29  
PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/232,665  
PRIOR FILING DATE: 2002-08-29  
PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/377,466  
PRIOR FILING DATE: 1999-08-19  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 43  
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0  
SEQ ID NO 1  
LENGTH: 1959  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
FEATURES:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1)..(1956)  
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: naturally  
OTHER INFORMATION: occurring nucleotide sequence encoding a Cry3Bb1  
OTHER INFORMATION: amino acid sequence  
US-11-192-801-1

Query Match 3.6%; Score 75.6; DB 7; Length 1959;  
Best Local Similarity 52.5%; Pred. No. 5.86-05;  
Matches 211; Conservative 0; Mismatches 164; Indels 27; Gaps 1;

QY	438	ACGATTGAGAAATGTCACATGATGATTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTGGAAC	497
DB	507	ACTTTTTCACAGCAAGAAATGTCATTTTCGTAATTCATGCGCATTTGAGAGTTTCAA	566
QY	498	TTATTAACGCTATTTACTTACTTATTTATTCGCAAGCTGTAATTTTCATTTAAATTAAT	557
DB	567	ATTGGAAGTGTGTTCTACCAATATGCAAGCTGCAAAATACATTTATTTGCTATT	626
QY	558	ACAACAAGCTGCTGAATTTGCTGATGTAATGGAATGCAATATACATCTTCACAAATTA	617
DB	627	AAAAGAGCTCAACTTTTGGAGGAAGATG3-----GG	659
QY	618	ACCTAATGCTGGAATCATCATGATGCTATTTATTAATCTTTAAAGAAATATATCTTAATA	677

Db 660 ATATCTTCAGAAAGTGTGCGAATTTTATCATAGACAAATTAACTTACACAAACATA 719  
Qy 678 TAGTAATCTATTTGCAATAATCCTATAGAGAAAGCTAAATTAATCTGAAACGAACCTAA 737  
Db 720 CACTGACCATTTGTTTAATGATTAATGTTGATTAATGTTAAAGGTTTAAAGGTTCACTTA 779  
Qy 738 TATGAGATGAGATATATTTAATATATATGAAAGATATATGACTATTAATCTGATTAAGTAC 797  
Db 780 TGAATGATGGGTCAAAATTTAAACGTTTTCGACAGAAATGACTTTAATCTGATTAAGTAC 839  
Qy 798 TATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATTAACAAAGTACAAAGA 839  
Db 840 AATTTGATCTTTCCCATTTTATGATATGTTGGTTATACTCAA 881

## RESULT 2

US-11-192-801-3  
; Sequence 3, Application US/11192801  
; Publication No. US20050273882A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Romano, Charles P.  
; TITLE OF INVENTION: Improved Expression of Cry3Bb Insecticidal Protein in Plants  
; FILE REFERENCE: 38-21(15304) Cry3Bb Improved Exp. Corn  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/192,801  
; PRIOR FILING DATE: 2005-07-29  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/232,665  
; PRIOR FILING DATE: 2002-08-29  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/377,466  
; PRIOR FILING DATE: 1999-08-19  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43  
; SOFTWARE: Patentin Ver. 2.0  
; SEQ ID NO 3  
; LENGTH: 1959  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; NAME/KEY: CDS  
; LOCATION: (1)..(1956)  
; OTHER INFORMATION: naturally occurring nucleotide sequence encoding a  
; OTHER INFORMATION: Cry3b2 amino acid sequence  
US-11-192-801-3

Query Match 3.5%; Score 72.4; DB 7; Length 1959;  
Best Local Similarity 52.0%; Pred. No. 0.00021;  
Matches 209; Conservative 0; Mismatches 166; Indels 27; Gaps 1;  
Qy 438 ACGATTTGAGAAATTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCACTTGAAC 497  
Db 507 ACTTTTTCACAGCAAGAAATGCTATTTTCATTCATCCGCTCATTTGCAAGTTCCAA 566  
Qy 498 TTATTAACGCTATTTACTTATTTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTAT 557  
Db 567 ATTGGAAGTGTCTTTTCTACCAATATGCAAGCTGCAAAATCAATTTATTTGCTATT 626  
Qy 558 ACAACAAGGTGCTGAATTTGCTGATGATGAAATGCAATATATCATCTTCACAAAATGA 617  
Db 627 AAAAGATGCTCAAGTTTGGAGAAGATG9-----GG 659  
Qy 618 ACCTAATGCTGGAACATCAATGACTATATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATA 677  
Db 660 ATATATCTTCAGAAATGTTGCTGAATTTTATCATAGACAAATTAACCTTACGCAACATA 719  
Qy 678 TAGTAATCTATTTGCAATAATCCTATAGAGAAAGCTAAATTAATCTGAAACGAACCTAA 737  
Db 720 CACTGACCATTTGTTTAATGATTAATGTTGATTAATGTTAAAGGTTTAAAGGTTCACTTA 779  
Qy 738 TATGAGATGAGATATATTTAATATATATGAAAGATATATGACTATTAATCTGATTAAGTAC 797  
Db 780 TGAATGATGGGTCAAAATTTAAACGTTTTCGACAGAAATGACTTTAATCTGATTAAGTAC 839  
Qy 798 TATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATTAACAAAGTACAAAGA 839  
Db 840 AATTTGATCTTTCCCATTTTATGATATGTTGGTTATACTCAA 881

## RESULT 3

US-11-121-086-105/c  
; Sequence 105, Application US/11121086  
; Publication No. US20050286459A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.  
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.  
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES  
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086  
; CURRENT FILING DATE: 2005-05-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570  
; PRIOR FILING DATE: 2004-05-04  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107  
; SOFTWARE: Patentin version 3.3  
; SEQ ID NO 105  
; LENGTH: 171486  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Homo sapiens  
US-11-121-086-105

Query Match 3.4%; Score 71.8; DB 7; Length 171486;  
Best Local Similarity 44.1%; Pred. No. 0.00061;  
Matches 580; Conservative 0; Mismatches 717; Indels 18; Gaps 6;  
Qy 775 ATGACTATTACTGATTAAGTACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATAC 834  
Db 17682 ATCTATTAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17623  
Qy 835 AAGATTCATAGAGAAATAGGTGCACTTAA-AACGAACTTACAGAGAAATTTATAC 893  
Db 17622 ATATATTTATATATATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17563  
Qy 894 AACTGAATTAATTTTGACCGTCTTACTTAAGTGAATTCACCAATCTGCTATTAAT 953  
Db 17562 ATCTATTAATATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17503  
Qy 954 GGAATTAATTTTAACAGCTGCGGCTGATTTATTTTATTTTGAAGACTTATAT 1013  
Db 17502 TCTATTAATTAATA-----ATCTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17450  
Qy 1014 TTATTAACAAAATTAAGAACGTAACGGAATGTTAGTATTCGAATCGTAATGATC 1073  
Db 17449 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATC 17390  
Qy 1074 TACTTAATGCTACAGCAAGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1133  
Db 17389 TATTAATTAATTAATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17330  
Qy 1134 AAAAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1193  
Db 17329 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17270  
Qy 1194 TCCATCTCCCTTTCTTACATATATCTTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1253  
Db 17269 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17210  
Qy 1254 TAAATCACTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1313  
Db 17209 TCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17150  
Qy 1314 AAGACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAAGCTGAACCAATTAATTAATTAATTAATTA 1373  
Db 17149 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17094  
Qy 1374 TTTACCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1433  
Db 17093 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17034  
Qy 1434 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1493

Db 17033 CATATATTAATATCAAAATATATATCTATCATATATTAATATACAAATATATTATATAT 16974  
 Qy 1494 TAGGTATATGAATATATGCAATATGATTAATATATACATGATCCAGCAATCAA 1553  
 Db 16773 ATCTATCATATATATATATACAAATATATTTATATATATCTATCATATATATATACAA 16914  
 Qy 1554 AGGTACAGCTCTGATACAACTCTAAGGTATATGAAAGCACTGGTCTATACAGAGGAAA 1613  
 Db 16713 ATATATTTATATATATCTATCATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 16854  
 Qy 1614 CTGGTATATTTACAAAGTCAGGCGCTTACAGATTAATGATGAACTCTTAATTTCTAC 1673  
 Db 16853 TAT 16794  
 Qy 1674 ACATATCTATATACATGATGCTGATACGCTCAAAATGCTGGAATATCTCTCTCA 1733  
 Db 16793 AAT 16734  
 Qy 1734 TATATCTCT--TACATACAGAGTATAGGAATATACCACTCAACGATCAACACACT 1791  
 Db 16733 TATATTTAT 16674  
 Qy 1792 TTTTCTGCTACAAATTTAT 1851  
 Db 16673 TAT 16614  
 Qy 1852 AGTACAGTATATACCTTAT 1910  
 Db 16613 TAT 16554  
 Qy 1911 ATCAATTCATTTTAT 1970  
 Db 16553 ATTAGTAT 16994  
 Qy 1971 CCAAAATATAGAG---AAAACAAAATATGAACTATCCAAACAAAATATATATATATATAT 2027  
 Db 16493 AT 16434  
 Qy 2028 CACAAATATATCAAAAATATCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2082  
 Db 16433 TAAAT 16379

RESULT 4  
 US-11-121-086-25/C  
 ; Sequence 25, Application US/11121086  
 ; Publication No. US20050266459a1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: POULSEN, TIM S.  
 ; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.  
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES  
 ; FILE REFERENCE: 09138, 6000-06000  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121, 086  
 ; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107  
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.3  
 ; SEQ ID NO 25  
 ; LENGTH: 173602  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: Homo sapiens  
 US-11-121-086-25

Query Match 3.4%; Score 71.4; DB 7; Length 173602;  
 Best Local Similarity 42.5%; Pred. No. 0.00072;  
 Matches 551; Conservative 0; Mismatches 736; Indels 8; Gaps 3;

Qy 737 ATATAGATATGAGTAT 796  
 Db 137315 AT 137256  
 Qy 797 CTATGCTCAATTTCTTTTATGAT 856

Db 137255 AT 137196  
 Qy 857 GTGGCATTTAAACGTAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGTC 916  
 Db 137195 AT 137136  
 Qy 917 TTACTACCTTGAATCAACCCAACTCGCTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 976  
 Db 137135 ATATATTTAT 137076  
 Qy 977 GCGTTAGATTTATTTTCAATTTTATGATGACTTATATTTTATACAAAATATGAAACGTACG 1036  
 Db 137075 GTAT 137016  
 Qy 1037 GGAATCGTTAGTTGGTATGCGAATCGTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1096  
 Db 137015 AT 136956  
 Qy 1097 AATATATATATGGAAGAAAGAGGTCACCCACAAACAAACCTTATATACATTTGAT 1156  
 Db 136955 TAT 136896  
 Qy 1157 CCTATTAAGTTTCAA--TTGTACTGATGACAAAGTAACTCTACTTCCCTTTTCTTAC 1215  
 Db 136895 TAT 136836  
 Qy 1216 ATATATCTTTACATTAATCAATTTGAACCTTATTTAAATATATACCTAGTATATATATAT 1275  
 Db 136835 AT 136776  
 Qy 1276 ACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATGATATATATATATATATATATATATATATATAT 1335  
 Db 136775 AT 136716  
 Qy 1336 GTAAAAAAGCTGTAAACCAATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13395  
 Db 136715 TAAAT 136656  
 Qy 1396 AGTCATATTTTATCCAGCTTTCTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1455  
 Db 136655 TAT 136596  
 Qy 1456 AAT 1515  
 Db 136595 AAT 136536  
 Qy 1516 ATATCAGAT 1575  
 Db 136535 AT 136476  
 Qy 1576 TCTAAGTATATGGAAGACCTGCTCATACAGAGAGAACTTGGTTTATTTACAAAGTCAA 1635  
 Db 136475 TTAT 136416  
 Qy 1636 GGGGCTTGAAGATTAATGATGAGAACTCTATATCTACAACTCTTATATATATATATATATAT 1695  
 Db 136415 TAT 136356  
 Qy 1696 CGATACCTTACAAA-----TGCTGCGAAATATCTCTCTATATATATCTCTACATATA 1749  
 Db 136355 AT 136296  
 Qy 1750 CCAGAGATATATGGAATATCACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGTCAAAATATAT 1809  
 Db 136295 TTAT 136236  
 Qy 1810 AAT 1869  
 Db 136235 AT 136176  
 Qy 1870 TTAATGAAACAT 1928



	Query Match	3.0%	Score 61.8;	DB 7;	Length 173602;
	Beeb Local Similarity	44.5%;	Pred. No. 0.035;		
	Matches 462;	Conservative 0;	Mismatches 567;	Indels 10;	Gaps 5;
Oy	432 TAAATTCGATTGGAAAGTGTCCAAATGATTTTAATTCGAGAATACTCGTGTTCACACT	91			
Db	136072 TAATATATATATAAATTTATATATGATATATTTTTATATATAAATATATATATATTT	136131			
Oy	492 TGAACCTATAAAAAGCTATTACTAACCTATTTATGCGAAGCTGTAATTTTCATTAAA	551			
Db	136132 ATAAATATATAAAT	136191			
Oy	552 TTATATCAACAAGGCTGCTGAATGGCTGATGATGAAATGCATATATCATCTTGACA	611			
Db	136192 TATATAAAT	136251			
Oy	612 AATTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACATATATMAACTTTAAAAGAAATATACC	671			
Db	136352 TATATAAAT	136311			
Oy	672 TAAATATATGTAATCTATGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTAAATPAACTTGAACGA	731			
Db	136312 TAAAT	136371			
Oy	732 ACCATAATGAGATGAGATATATTTAATGATATCGAAATATATGACTATTAATCTGAT	791			
Db	136372 TTAT	136430			
Oy	792 AGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATATATATATAAGATATCAAAGATTCATATAGAA	851			
Db	136431 AT	136490			
Oy	852 AATGATGATGAT---TAAACCTGAACCTACAGAGAATTTATACATGAAATATATTT	908			
Db	136491 TAAAT	136550			
Oy	909 TGACCGTCTTACTTACCTTGAATTCACCCAACTCGCTATATATGAAATATATATTTAA	968			
Db	136511 TTTATATGTTAT	136610			
Oy	969 ACCTTCAAGGCTTATATTTTCAATTTTAGATGAACTTATATTTTATACAAAAATGA	1028			
Db	136611 TAT	136670			
Oy	1029 AACGATGGAATGCTTATGTTATGATTCGCAATCGATATAGATCTATATGCTACGAC	1088			
Db	136671 TGTAT	136730			
Oy	1089 AGGAAGTAAATATATATATGAGAAAGAACAGGTCACCCACCAACAAACAACTTAAATAC	1148			
Db	136731 A-AT-T	136788			
Oy	1149 ATTGAATCTATATAAAGTTTCAATGTGAACGTATGACAACTACTCTTACCTCCCTTT	1208			
Db	136789 GTTATG	136848			
Oy	1209 TCCATACATATATCTTACAAATTAATCAATTTGACTTATTTAAATATTCACCTGTAA	1268			
Db	136849 TTAAT	136908			
Oy	1269 TAAATTAATATATGAGCTGGGGGAATTTATCTATATGATTAATAAAAAACATGATTTCA	1328			
Db	136909 TAT	136968			
Oy	1329 ATTTCCTGTAATAAAAGACTGTAACCAATTTATATATCCAAATGTTTACCAAGCTATTA	1388			
Db	136969 ATAT-----AT	137024			
Oy	1389 TAGTATATGCAATTTTATGCCATTTTCTTATTTATATATATOCATATAATATGATTT	1448			
Db	137025 TAGTAT	137084			





Db	322	GAAGAGTCATGGGAATTTTATGGAACAAGTAGAAGACTTATCAAAAATA	381
Qy	274	AAGAAAGCATMAAAACAGCTAAGTTACAAACTTTAGAGATTAGACAATATTACA	333
Db	382	GGGAATATGCAAGGAATTAAGCGCTTTGGAAATTAGAGAGTTAAGTAATATTACAA	441
Qy	334	AGCTATTAATACAGCAATTAGATGATGGAAAAATTAAAAAGACTACAGACTCTGGATTA	393
Db	442	TTATATCTAACTGCGCTTGAAGAAATGGGAAGAAATCATTTGAAAGTCAGAGTATTA	501
Qy	394	CCACCATCATACGCAATTACACACAGCTGCTTGACTCTTAAATATGACATTTGAGATGTT	453
Db	502	AATGTTCCCGGCGCAGCTTTACGAGATG-----TGCAAATCATTTGAAATCTCG	552
Qy	454	CACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTTCCAATTGAAACTTTAAAGCATATTA	513
Db	553	GATAGTTTATTACCAATATATGCACTTTTAGAGTACAAATTTTGAAGTACCAATTC	612
Qy	514	CTACCTATTATGCGCAAGCTGCTTAATTTTCAATTAATTTATTACAACAAGTGTGGA	573
Db	613	CTTACTGTATTAAGCAATGGCAGCCAACTTCATTACTGTATTTAAAGAGCGCTCAATT	672
Qy	574	TTGGCTGATGAAATGGAATGCAATATATCATCTTCACAAATTTGAACCTAATGCTGAAACA	633
Db	673	TTTGGAGAAATGGGATGCTCAACACT-----ACT	705
Qy	634	TCAGATGACTATTATTAACCTTTTAAAGAAAATTAACCTAATATTAGTAATTTGNGCA	693
Db	706	ATTAAATACCTATTATGATGCTCAATGAAACTTACTGAGAGATATTCGATCACTGTGTA	765

```

: PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
:
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
: SOFTWARE: FastSeq for windows Version 4.0
: SEQ ID NO 83
: LENGTH: 2031
: TYPE: DNA
:

```



ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1)...(2031)  
US-11-058-727-83

Query Match 2.8%; Score 58.6; DB 7; Length 2031;  
Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.056;  
Matches 291; Conservative 0; Mismatches 294; Indels 36; Gaps 2;

```
QY 214 GACAAAACAGTATGACACAACTTATTAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTA 273
DB 322 GAAAGAGTCAATGGAAATTTTATGACAACTAGAGAACTCATTAATCAAAAATA 381
QY 274 ACAGAAAGCATAAACAGCTAAAGTTACAACTTAGAGAGTTAGACAAATTTACAA 333
DB 382 GCAGAAATAGCAAGAAATTAAGCGCTTTCGGAATTTAGAGATTAAGTAATTAACAA 441
QY 334 AGCTATATACAGATTAGATGATTGAGAAATTAAGAACTAACAGCTCCTGATTA 393
DB 442 TTATATCTAATCGCTTGAAGATGGAAGAAATTCATTTCCAGAGTGAAGTTTA 501
QY 394 CCACCATCATCAGATTACAAACAGCTGCTGATCTTAAATAGATTGAGAAATGTT 453
DB 502 AATGCTTCCGGCCAGCTTACGAGATG-----TGGAAATGCAATTTGAAATCCTG 552
QY 454 CACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTATTAACGCTATTA 513
DB 553 GATAGTTTATTAAGCAATATATGCCATCTTTAGAGTGAACAATTTTGAAGTACATTC 612
QY 514 CTACCTTATTAATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAACAAGTGTGAA 573
DB 613 CTTAATCTAATGATGAAATGGAAGCAACCTTCAATTTAGTATTAAGACGCGCTCAAT 672
QY 574 TTGGCTGATGAATGGAATGAGATATATCATCCCTTCAAAATGAACTAATGCTGAACA 633
DB 673 TTGGAGAAAGATGGGATGCTCAACAAT-----TGGAAATGCAATTTGAAATCCTG 705
QY 634 TCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATCTATTGCA 693
DB 706 ATTAATATCTATTTATGATGCTGCAATGAACTTACGAGAAATTTGTAATCCTGTA 765
QY 694 AATACCTATAGAGAGACTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATAGATGAGATTA 753
DB 766 AAGGTGATGAACTGCTTTAGCAAAATTAAGGCAAGCGCTAAACAATGGGTTGAC 825
QY 754 TTTAATGATTAATGAGATATATGACTAATTAATGATTAATGATGCTCAATTTCT 813
DB 826 TATACCAATTCGTTAGAGAAATGACACTGGCGGTTTAAATGTTGCTTATTTCCA 885
QY 814 TTTTATGATTAATGAAGATAC 834
DB 886 AATTATGACACAGCAGCTAC 906
```

RESULT 12  
US-11-108-389-51  
Sequence 51, Application US/11108389  
Publication No. US20050261188A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Andre R. Abad  
APPLICANT: Ronald D. Flannagan  
APPLICANT: Rafael Herrmann  
APPLICANT: Theodore W. Kahn  
APPLICANT: Albert L. Lu  
APPLICANT: Billy Fred McCutchen  
APPLICANT: James K. Presnail  
APPLICANT: James F.H. Wong  
APPLICANT: Cao-Guo Yu  
TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal  
FILE REFERENCE: 35718/291049  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389

CURRENT FILING DATE: 2005-04-18  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
SOFTWARE: PastSeq for Windows Version 4.0  
SEQ ID NO 51  
LENGTH: 2031  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1)...(2031)  
US-11-108-389-51

Query Match 2.8%; Score 58.6; DB 7; Length 2031;  
Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.056;  
Matches 291; Conservative 0; Mismatches 294; Indels 36; Gaps 2;

```
QY 214 GACAAAACAGTATGACACAACTTATTAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTA 273
DB 322 GAAAGAGTCAATGGAAATTTTATGGAACAAGTGAAGAACTCATTAATCAAAAATA 381
QY 274 ACAGAAAGCATAAACAGCTAAAGTTACAACTTAGAGAGTTTGAACAAATTTACAA 333
DB 382 GCAGAAATAGCAAGAAATTAAGCGCTTTCGGAATTTAGAGATTAAGTAATTAACAA 441
QY 334 AGCTATATACAGATTAGATGATTGAGAAATTAAGAACTAACAGCTCCTGATTA 393
DB 442 TTATATCTAATCGCTTGAAGATGGAAGAAATTCATTTCCAGAGTGAAGTTTA 501
QY 394 CCACCATCATCAGATTACAAACAGCTGCTGATCTTAAATAGATTGAGAAATGTT 453
DB 502 AATGCTTCCGGCCAGCTTACGAGATG-----TGGAAATGCAATTTGAAATCCTG 552
QY 454 CACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTATTAACGCTATTA 513
DB 553 GATAGTTTATTAAGCAATATATGCCATCTTTAGAGTGAACAATTTTGAAGTACATTC 612
QY 514 CTACCTTATTAATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAACAAGTGTGAA 573
DB 613 CTTAATCTAATGATGAAATGGAAGCAACCTTCAATTTAGTATTAAGACGCGCTCAAT 672
QY 574 TTGGCTGATGAATGGAATGAGATATATCATCCCTTCAAAATGAACTAATGCTGAACA 633
DB 673 TTGGAGAAAGATGGGATGCTCAACAAT-----TGGAAATGCAATTTGAAATCCTG 705
QY 634 TCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATCTATTGCA 693
DB 706 ATTAATATCTATTTATGATGCTGCAATGAACTTACGAGAAATTTGTAATCCTGTA 765
QY 694 AATACCTATAGAGAGACTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATAGATGAGATTA 753
DB 766 AAGGTGATGAACTGCTTTAGCAAAATTAAGGCAAGCGCTAAACAATGGGTTGAC 825
QY 754 TTTAATGATTAATGAGATATATGACTAATTAATGATTAATGATGCTCAATTTCT 813
DB 826 TATACCAATTCGTTAGAGAAATGACACTGGCGGTTTAAATGTTGCTTATTTCCA 885
QY 814 TTTTATGATTAATGAAGATAC 834
DB 886 AATTATGACACAGCAGCTAC 906
```

RESULT 13  
US-11-108-389-83  
Sequence 83, Application US/11108389  
Publication No. US20050261188A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Andre R. Abad

```

; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnall
; APPLICANT: James F.H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins with Pesticidal
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
; CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 83
; LENGTH: 2031
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2031)
US-11-108-389-83

```

Query Match 2.8%; Score 58.6; DB 7; Length 2031;

Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.056; Mismatches 294; Indels 36; Gaps 2;

```

; 214 GACAAAACAGTATGACACATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTA 273
; 322 GAAAAGGTCAATGGAAATTTTATGGAAACAGTAGAAGAACATTAATCAAAAATA 381
; 274 ACAGAAAGCATTAACGCTTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTAGCAAAATTTTACA 333
; 382 GCAGAAATGCAAGAAATTAAGCGCTTCGGAATTAGAGATTAGTAATTAATTAACAA 441
; 334 AGCATATATCAGCATTAAGATGATTTGAGAAATTTAAAGACTACAAGCTCCGTGATTA 393
; 442 TTATATCTAACTGGCTTGAAGATGGAGAAATATCATTTGCAAGTCGAGTAGTTTA 501
; 394 CCAACATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCTTGACTTTAAATATACGATTTGAGATGTT 453
; 502 AATGTTCCGGCCAGGCTTACGAGATG-----TGGAAATTCGATTTGAAATCTCG 552
; 454 CACATGATTTTATTCGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACTTATTAACCGTATTA 513
; 553 GATGTTTATTTAGCAATATATGCCATCTTTAGAGTACAAATTTTGAAGTACCAATTC 612
; 514 CTACCTTATTTATGCGCAAGCTGCTAAATTTTCAATTAATTTATTAACAACAAGTCTGAA 573
; 613 CTATCTGATATGAAATGGACGCACTTATTTATCTGTTATTAAGAGCGCTCAATT 672
; 574 TTGGCTATGAAATGAGATGAGATATATCATCTTCACAAAATGGAACCTAATGCTGAGACA 633
; 673 TTGGAGAAAGATGGGATGGTCAACAAC-----ACT 705
; 634 TCAGATGACTATTTAACTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGTAATCTATTGCGA 693
; 706 ATTAATATCACTATATGATCGTCAATGAACTTACTGAGAAATATTCGATCAGCTGCTA 765
; 694 AATACATATGAGAGAGCTAAATTAACCTTGAAACGAACTAATATGAGATGAGATATA 753
; 766 AAGGTGATGAACTGGTTTACAAATTTAAAGGACGAGCGCTTAAACAAATGGGTGAC 825
; 754 TTTAATGATTTATCGAAGATATATGACTATTACTGTTATGATATGCTCAATTTTCT 813
; 826 TATTAACAATTCGAGAGAAATGACACTGGCGGTTTATGATGTTGTCATTAATCCCA 885

```

```

; 814 TTTATGATATTAAGATATC 834
; 886 AATTATGACACGACGCTAC 906

```

# RESULT 14

US-11-058-727-39

Sequence 39, Application US/11058727

Publication No. US20050261483A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Andre R. Abad

APPLICANT: Ronald D. Flannagan

APPLICANT: Rafael Herrmann

APPLICANT: Theodore W. Kahn

APPLICANT: Albert L. Lu

APPLICANT: Billy Fred McCutchen

APPLICANT: James K. Presnall

APPLICANT: James F.H. Wong

APPLICANT: Cao-Guo Yu

TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins with Pesticidal

FILE REFERENCE: 35718/287809

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727

CURRENT FILING DATE: 2005-02-15

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786

PRIOR FILING DATE: 2002-06-26

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787

PRIOR FILING DATE: 2003-04-04

PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320

PRIOR FILING DATE: 2003-06-25

NUMBER OF SEQ ID NOS: 134

SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

SEQ ID NO 39

LENGTH: 2028

TYPE: DNA

ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (1)...(2028)

US-11-058-727-39

Query Match 2.8%; Score 57.4; DB 7; Length 2028;

Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.091; Mismatches 291; Indels 39; Gaps 2;

```

; 214 GACAAAACAGTATGACACATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTA 273
; 322 GAAAAGGTCAATGGAAATTTTATGGAAACAGTAGAAGAACATTAATCAAAAATA 381
; 274 ACAGAAAGCATTAACGCTTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTAGCAAAATTTTACA 333
; 382 GCAGAAATGCAAGAAATTAAGCGCTTCGGAATTAGAGATTAGTAATTAATTAACAA 441
; 334 AGCATATATCAGCATTAAGATGATTTGAGAAATTTAAAGACTACAAGCTCCGTGATTA 393
; 442 TTATATCTAACTGGCTTGAAGATGGAGAAATATCATTTGCAAGTCGAGTAGTTTA 501
; 394 CCAACATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCTTGACTTTAAATATACGATTTGAGATGTT 453
; 502 AGTGAAGTCAAGCTTACGAGATG-----TGGAAATTCGATTTGAAATCTCG 549
; 454 CACATGATTTTATTCGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAACTTATTAACCGTATTA 513
; 550 GATGTTTATTTAGCAATATATGCCATCTTTAGAGTACAAATTTTGAAGTACCAATTC 609
; 514 CTACCTTATTTATGCGCAAGCTGCTAAATTTTCAATTAATTTATTAACAACAAGTCTGAA 573
; 610 CTATCTGATATGAAATGGACGCACTTATTTATCTGTTATTAAGAGCGCTCAATT 669
; 574 TTGGCTATGAAATGAGATGAGATATATCATCTTCACAAAATGGAACCTAATGCTGAGACA 633
; 670 TTGGAGAAAGATGGGATGGTCAACAAC-----ACT 702

```

QY 634 TCAGATGACTATTATAAACTTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTAATATTGTGCA 693  
 |||||  
 Db 703 ATTAATTAACCTATTATGATCGTCAATGAACTTAAGTAATATCTGATCACTGTGTA 762  
 QY 694 AATACCTATAGAGAGAGACTAAATTAACCTTCGAAACCACTTAATATGAGATGAGATATA 753  
 |||||  
 Db 763 AAGTGTATGAAACTGTGTTTACGAAATTTAAAGGCGAGCGCTAAACATGCGTTGAC 822  
 QY 754 TTAAATGATTATGGAAGATATATGACTATTACTGTATTATGACTATCGCTCAATTTTCT 813  
 |||||  
 Db 823 TATTAACCAATTCGCTTACGAGAAATGACACTGCGGTTTAAATGTTGTGCAATTATTCCTCA 882  
 QY 814 TTTTATGATATTAAGAAGATAC 834  
 |||||  
 Db 883 AATTATGACACACGACGCTAC 903

## RESULT 15

US-11-058-727-71  
 ; Sequence 71, Application US/11058727  
 ; Publication No. US20050261483A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Andre R. Abad  
 ; APPLICANT: Ronald D. Flannagan  
 ; APPLICANT: Rafael Herrmann  
 ; APPLICANT: Theodore W. Kahn  
 ; APPLICANT: Albert L. Lu  
 ; APPLICANT: Billy Fred McUtchen  
 ; APPLICANT: James K. Presnell  
 ; APPLICANT: James F.H. Wong  
 ; APPLICANT: Cao-Guo Yu  
 ; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Pesticidal  
 ; FILE REFERENCE: 35718/287809  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727  
 ; CURRENT FILING DATE: 2005-02-15  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
 ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
 ; SEQ ID NO 71  
 ; LENGTH: 2028  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)  
 ; FEATURE:  
 ; NAME/KEY: CDS  
 ; LOCATION: (1)...(2028)  
 ; US-11-058-727-71

Query Match 2.8%; Score 57.4; DB 7; Length 2028;  
 Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.091;  
 Matches 291; Conservative 0; Mismatches 291; Indels 39; Gaps 2;

QY 214 GACAAAAGCATATGACACAAATTTATTAATGAGAGAAATTTTGTGATACACCGTTA 273  
 |||||  
 Db 322 GAAAGAGTCAATGGGAAATTTTATGACAAAGTAGAAGAACTCATTAATCAAAAAATA 381  
 QY 274 ACAGAAAGCATAAAGAGCTAAAGTTACAACCTTTAGAGAGATTTAGACAAATATTACAA 333  
 |||||  
 Db 382 GCAGAAATATGCAAGAAATTAAGCGCTTCGGAATTAAGAGATTAGTAATATTACCAA 441  
 QY 334 AGCTATATATCAGCATTAATGATGATGAGAAATTTAAAGAACTACAAAGCTCCTGATTA 393  
 |||||  
 Db 442 TTATATCTAATCTCGCTTGAAGATGGAAGAAATCCATTCGAAGTCGAGGTTTTCGA 501  
 QY 394 CCACCATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCTTGAATTTAAATAGCATTTGAGAAATGTT 453  
 |||||  
 Db 502 AGTCGAGCTCCAGCCTTACGAGA-----TGTGCGAAATCGATTTGAAATCTCTG 549

QY 454 CCAATGATTTTATTTGAGAGAAATACCTGGTTTCCAATTGAACTTATAAAGCTATTATA 513  
 |||||  
 Db 550 GATAGTTTATTACGCAATATATGCAATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGTACATTTC 609  
 QY 514 CTACCTATTTATGCGGACCTGCTAATTTTCAATTTAAATTTATATACAAAGGTGCTGAA 573  
 |||||  
 Db 610 CTTACTGTATATGCAATGACAGCAACTTCAATTTACTGTATTTAAAGGACGCGTCAATT 669  
 QY 574 TTGGCTGATGAATGGAATGCAGATATATACATCCCTTCAGCAAAATTGAACCTAATGCTGAGAA 633  
 |||||  
 Db 670 TTGGAGAGAAATGGGATGCTACACACT-----ACT 702  
 QY 634 TCAGATGACTATTATAAACTTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTAATATTGTGCA 693  
 |||||  
 Db 703 ATTAATTAACCTATTATGATCGTCAATGAACTTAAGTAATATCTGATCACTGTGTA 762  
 QY 694 AATACCTATAGAGAGAGACTAAATTAACCTTCGAAACCACTTAATATGAGATGAGATATA 753  
 |||||  
 Db 763 AAGTGTATGAAACTGTGTTTACGAAATTTAAAGGCGAGCGCTAAACATGCGTTGAC 822  
 QY 754 TTAAATGATTATGGAAGATATATGACTATTACTGTATTATGATATGACTATCGCTCAATTTTCT 813  
 |||||  
 Db 823 TATTAACCAATTCGCTTACGAGAAATGACACTGCGGTTTAAATGTTGTGCAATTATTCCTCA 882  
 QY 814 TTTTATGATATTAAGAAGATAC 834  
 |||||  
 Db 883 AATTATGACACACGACGCTAC 903

Search completed: December 22, 2005, 01:21:31  
 Job time : 256.49 secs

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 11:20:55 ; Search time 1227.35 Seconds  
(without alignments)  
11321.853 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085  
Sequence: 1 atgtctcaagsgaatcacca.....caactatgatgtgataa 2085

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 496997 seqs, 3332346308 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 9993994

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database :

N\_Geneseq\_21:\*

- 1: geneseqn1960s:\*
- 2: geneseqn1990s:\*
- 3: geneseqn2000s:\*
- 4: geneseqn2001as:\*
- 5: geneseqn2001bs:\*
- 6: geneseqn2002as:\*
- 7: geneseqn2002bs:\*
- 8: geneseqn2003as:\*
- 9: geneseqn2003bs:\*
- 10: geneseqn2003cs:\*
- 11: geneseqn2003ds:\*
- 12: geneseqn2004as:\*
- 13: geneseqn2004bs:\*
- 14: geneseqn2005s:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2085	100.0	2085	13	ADR89398
2	2085	100.0	2235	13	ADR89396
3	1794.4	86.1	2208	13	ADR89394
4	334.6	16.0	3940	1	AAN93054
5	334.6	16.0	4571	1	AAN93059
6	334.6	16.0	4934	2	AAN81490
7	331.4	15.9	3543	2	AAN01669
8	331.4	15.9	3543	2	AAN081178
9	161.2	7.7	4896	6	AAD43974
10	161.2	7.7	4896	10	ADF31301
11	161.2	7.7	4896	10	ADF31306
12	158	7.6	2061	2	AAQ14670
13	158	7.6	2061	2	AAQ81180
14	148.2	7.1	3756	1	AAN50525
15	117	5.6	15548	6	ABL34155
16	101.2	4.9	3684	6	AAN82106
17	101	4.8	3684	6	ABK14949
18	100.6	4.8	3535	1	AAN91003
19	100.6	4.8	3684	14	AEA61392

20	99	4.7	4065	1	AAN92515	AAN92515 Sequence
21	99	4.7	4184	1	AAN96139	AAN96139 Bacillus
22	97.8	4.7	10974	1	AAN60055	AAN60055 VB131 clo
23	93.6	4.5	8056	8	ABZ10246	ABZ10246 Haematopo
24	92.6	4.4	3507	2	AAT43221	AAT43221 Antiscara
25	88.4	4.2	2130	12	ADP71294	ADP71294 Codon-mod
26	88.4	4.2	2246	12	ADP71295	ADP71295 Codon-mod
27	86.8	4.2	8056	8	ABZ10100	ABZ10100 Haematopo
28	86.4	4.1	4660	14	ADZ70892	ADZ70892 Human mat
29	86.2	4.1	1524	14	ADZ70897	ADZ70897 Human mat
30	83.8	4.0	1554	14	ADZ70999	ADZ70999 Human chr
31	83.2	4.0	8056	8	ABZ10246	ABZ10246 Haematopo
32	82.8	4.0	34548	6	AB170603	AB170603 Chemical
33	82	3.9	2482	14	ADZ71091	ADZ71091 Human chr
34	81.2	3.9	2131	14	ADZ71009	ADZ71009 Human chr
35	79.6	3.8	3444	2	AAT05249	AAT05249 CRYIF/cry
36	79.6	3.8	3444	2	AAT05251	AAT05251 CRYIF/cry
37	79.6	3.8	3444	2	AAT18723	AAT18723 CRYIF/cry
38	79.6	3.8	3444	2	AAT18701	AAT18701 CRYIF/cry
39	79.6	3.8	3444	2	AAV62080	AAV62080 Plasmid p
40	79.6	3.8	3444	2	AAV62082	AAV62082 Plasmid p
41	79.6	3.8	3450	2	AAT05269	AAT05269 CRYIA(c)/
42	79.6	3.8	3450	2	AAT18721	AAT18721 CRYIA(c)/
43	79.6	3.8	3450	2	AAV62079	AAV62079 Plasmid p
44	79.6	3.8	3522	2	AAQ10182	AAQ10182 Lepidopte
45	79.6	3.8	3522	2	AAQ47291	AAQ47291 Delta end

## ALIGNMENTS

RESULT 1	
ADR89398	
ID	ADR89398 standard; cDNA; 2085 BP.
AC	ADR89398;
XX	
DT	18-NOV-2004 (first entry)
XX	
DE	AXMI-007 alternative start site coding sequence.
XX	
KW	ss; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;
KW	expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;
KW	lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;
KW	pesticidal activity.
XX	
OS	Bacillus thuringiensis.
XX	
FT	
FT	Key
FT	CDS
FT	Location/Qualifiers
FT	1..2085
FT	/*tag= a
FT	/product= "Alternative AXMI-007"
PN	WO2004074462-A2.
XX	
PD	02-SEP-2004.
XX	
XX	20-FEB-2004; 2004WO-US005829.
XX	
PR	20-FEB-2003; 2003US-0448632P.
PR	20-FEB-2003; 2003US-0448633P.
PR	20-FEB-2003; 2003US-0448787P.
PR	20-FEB-2003; 2003US-0448806P.
PR	20-FEB-2003; 2003US-0448812P.
PR	19-FEB-2004; 2004US-00781979.
PR	19-FEB-2004; 2004US-00782020.
PR	19-FEB-2004; 2004US-00782096.
PR	19-FEB-2004; 2004US-00782141.
PR	19-FEB-2004; 2004US-00782570.
PR	19-FEB-2004; 2004US-00783417.
XX	
PA	(ATHE-) ATHENIX CORP.

XX Carozzi N, Hargiss T, Koziel MG, Duck NB, Carr B;  
PI 2004-635574/61.  
XX WPI; 2004-635574/61.  
DR P-FSDB; AD89399.  
XX  
PT New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids  
XX and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or  
XX for producing organisms with pesticide resistance.  
PS Claim 1; SEQ ID NO 10; 178bp; English.

CC This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-  
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start  
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.  
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs  
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and  
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for  
CC killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the  
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are  
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,  
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for  
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-  
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the  
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or  
CC nucleic acids in products or organisms.

CC Sequence 2085 BP; 794 A; 338 C; 302 G; 651 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 2085; DB 13; Length 2085;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;  
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ATGTGTCAGGGAATACACATATGTGATATTCGAGACATTGGTACGATGATACA 60  
Db 1 ATGTGTCAGGGAATACACATATGTGATATTCGAGACATTGGTACGATGATACA 60  
QY 61 ATTGCTGACGTTAGTGAGGTAATGTAATCCGTAATCTGTTAGCCGGTATAGTGG 120  
Db 61 ATTGCTGACGTTAGTGAGGTAATGTAATCCGTAATCTGTTAGCCGGTATAGTGG 120  
QY 121 CTGACTCTATATCCCGACCGATAGGAATATAGTCTATATATCTTTTGGTACC 180  
Db 121 CTGACTCTATATCCCGACCGATAGGAATATAGTCTATATATCTTTTGGTACC 180  
QY 181 CTATACCTGCTTTTGGCCCGGAGAACACAGCAAAACAGTATGACACATTTAT 240  
Db 181 CTATACCTGCTTTTGGCCCGGAGAACACAGCAAAACAGTATGACACATTTAT 240  
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACGTTAACAGAAACATTAACAGTAAAGTTA 300  
Db 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACGTTAACAGAAACATTAACAGTAAAGTTA 300  
QY 301 CAAACTTAAAGATTTAGACAAATATTAACAAAGCTATATACAGATTAATGATGG 360  
Db 301 CAAACTTAAAGATTTAGACAAATATTAACAAAGCTATATACAGATTAATGATGG 360  
QY 361 AGAAATTTAAAGACTACAGAGCTCTGATTAACCAATCATCAGATTAACAAGCT 420  
Db 361 AGAAATTTAAAGACTACAGAGCTCTGATTAACCAATCATCAGATTAACAAGCT 420  
QY 421 GCTTGAATCTTAAATACGATTTGAGATGTTACAAATGATTTTATTCGAAATACCT 480  
Db 421 GCTTGAATCTTAAATACGATTTGAGATGTTACAAATGATTTTATTCGAAATACCT 480  
QY 481 GGTTCCTCACTTAAATATTAATAAGCTATTAATCTATTTATGCGAAAGCTGTAAT 540  
Db 481 GGTTCCTCACTTAAATATTAATAAGCTATTAATCTATTTATGCGAAAGCTGTAAT 540  
QY 541 TTTCATTTAATTTATTAACAAGAGTGTGATTTGGCTGATGAATGAATGACATATA 600  
Db 541 TTTCATTTAATTTATTAACAAGAGTGTGATTTGGCTGATGAATGAATGACATATA 600

QY 601 CATCTTCACAATTTGAACCTTAATGCTGACACATGATGATATTTATTAACCTTTTAAA 660  
Db 601 CATCTTCACAATTTGAACCTTAATGCTGACACATGATGATGATATTTATTAACCTTTTAAA 660  
QY 661 GAAAAATATCTTAATATATGTAATCTTATGCAATATCTATATGAGAGACATAATTA 720  
Db 661 GAAAAATATCTTAATATATGTAATCTTATGCAATATCTATATGAGAGACATAATTA 720  
QY 721 CTTCGAAAGCAACCTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780  
Db 721 CTTCGAAAGCAACCTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780  
QY 781 ATTACTGATTAATGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGAT 840  
Db 781 ATTACTGATTAATGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGAT 840  
QY 841 TCATATGGAAGATATGCTGATTAATACTGAACCTTACAGAGAAATTTATCACTGAA 900  
Db 841 TCATATGGAAGATATGCTGATTAATACTGAACCTTACAGAGAAATTTATCACTGAA 900  
QY 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTACCTTGAATTCACCAATCTGCTATTAATGAAAT 960  
Db 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTACCTTGAATTCACCAATCTGCTATTAATGAAAT 960  
QY 961 AATTAAACGCTTACAGGCTTATGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACCTTAATTTTAA 1020  
Db 961 AATTAAACGCTTACAGGCTTATGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACCTTATTTTAA 1020  
QY 1021 AAAAATGAAACGTAACGGGAATGTTTACTGATATGGAATTCGAAATGATGATGAT 1080  
Db 1021 AAAAATGAAACGTAACGGGAATGTTTACTGATATGGAATTCGAAATGATGATGAT 1080  
QY 1081 GCTACGACAGGAACCTGAATTTATATGAGAGAAAGACAGTCCACCAACAAATTA 1140  
Db 1081 GCTACGACAGGAACCTGAATTTATATGAGAGAAAGACAGTCCACCAACAAATTA 1140  
QY 1141 TTAAATCAATTTGAATCTTAATAAGTTTCAATTTGTAATGATGATGATGATGAT 1200  
Db 1141 TTAAATCAATTTGAATCTTAATAAGTTTCAATTTGTAATGATGATGATGATGAT 1200  
QY 1201 TCCCTTTTCTTAACGATATCTTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCA 1260  
Db 1201 TCCCTTTTCTTAACGATATCTTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCA 1260  
QY 1261 CCTAGTAATTAATTAATCAATTTTCAAGTGGGGGAATTTATCTTAATGATTAATA 1320  
Db 1261 CCTAGTAATTAATTAATCAATTTTCAAGTGGGGGAATTTATCTTAATGATTAATA 1320  
QY 1321 GATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACGTAACCAATTAATTAATCAATTTGTTTACA 1380  
Db 1321 GATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACGTAACCAATTAATTAATCAATTTGTTTACA 1380  
QY 1381 AGCTATTAATGATTAATGATATTTTATCCAGTTTCTTTTATTTATTTATTTT 1440  
Db 1381 AGCTATTAATGATTAATGATATTTTATCCAGTTTCTTTTATTTATTTATTTT 1440  
QY 1441 ATTGAATGCGCTAATAATTAATTAATCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGAT 1500  
Db 1441 ATTGAATGCGCTAATAATTAATTAATCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGAT 1500  
QY 1501 AATAGAAATTAATGATTAATCAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560  
Db 1501 AATAGAAATTAATGATTAATCAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560  
QY 1561 AGCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1620  
Db 1561 AGCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1620  
QY 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGGCTTTAGATTTAATGATGATGATGATGATGATGAT 1680  
Db 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGGCTTTAGATTTAATGATGATGATGATGATGATGAT 1680  
QY 1681 TATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740  
Db 1681 TATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740



```

Db      751  CATCTTCAAAATTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACATATATTAACCTTTAAAA 810
Qy      661  GAAATATATACCTAATATAGTAACTATGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTTAATPAA 720
Db      811  GAAATATATACCTAATATAGTAACTATGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTTAATPAA 870
Qy      721  CTTGAAAGACACCTAAATATGAGATGAGATATATTAATGATTAATGCAAGATATATGACT 780
Db      871  CTTGAAAGACACCTAAATATGAGATGAGATATATTAATGATTAATGCAAGATATATGACT 930
Qy      781  ATTAGCTATATAGTATATATGCTCATATTTCTTTATATATATATTAAGATATCAAAAGAT 840
Db      931  ATTAGCTATATAGTATATATGCTCATATTTCTTTATATATATTAAGATATCAAAAGAT 990
Qy      841  TCAATAGAGAAGATAGGTGGCAATTAATACTGAACCTTACAAGAAATTTATACACTGAA 900
Db      991  TCAATAGAGAAGATAGGTGGCAATTAATACTGAACCTTACAAGAAATTTATACACTGAA 1050
Qy      901  ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGCTATATGAAATAT 960
Db      1051  ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGCTATATGAAATAT 1110
Qy      961  AATTTACAGCTTCAGGGGCTTAGATTTATTTTCATTTTATAGATGAACTTATTTTATACA 1020
Db      1111  AATTTACAGCTTCAGGGGCTTAGATTTATTTTCATTTTATAGATGAACTTATTTTATACA 1170
Qy      1021  AAAAATGAAAAGTACGGGAATCGTTTATGTTGTAATTCGATCGATATAGATCTACTTAT 1080
Db      1171  AAAAATGAAAAGTACGGGAATCGTTTATGTTGTAATTCGATCGATATAGATCTACTTAT 1230
Qy      1081  GCTACGACAGGAACCTGAATTTATATATGAGAAAGAAACAGGTCCACCAACAACAAACT 1140
Db      1231  GCTACGACAGGAACCTGAATTTATATATGAGAAAGAAACAGGTCCACCAACAACAAACT 1290
Qy      1141  TTAATACCATTTGATCTCTAATTAAGTTTCAATTGTAATTCGATGACAGATACCTCCACT 1200
Db      1291  TTAATACCATTTGATCTCTAATTAAGTTTCAATTGTAATTCGATGACAGATACCTCCACT 1350
Qy      1201  TCCCTCTTTCTTAACATATATCTTACAAATTAATCAAAATGAACTTTATTTAAATATCA 1260
Db      1351  TCCCTCTTTCTTAACATATATCTTACAAATTAATCAAAATGAACTTTATTTAAATATCA 1410
Qy      1261  CCTAGTATATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAAATGATAAAAACAAC 1320
Db      1411  CCTAGTATATTAATTAATTAATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAAATGATAAAAACAAC 1470
Qy      1321  GATTTCAATTTCTCTGTAATTAAGTAAAGCTGTAACCAATTAATTAATGTTTATCA 1380
Db      1471  GATTTCAATTTCTCTGTAATTAAGTAAAGCTGTAACCAATTAATTAATGTTTATCA 1530
Qy      1381  AGCTATATATAGTATATAGTATTTTATCCAGTTTCTTTATTTATTAATTAATTCCTATAA 1440
Db      1531  AGCTATATATAGTATATAGTATTTTATCCAGTTTCTTTATTTATTAATTAATTCCTATAA 1590
Qy      1441  ATTGGATTAGCGCTAAATATATATTAATTAACAGGTGCATTAGAGTGAACAACAGTAGTTT 1500
Db      1591  ATTGGATTAGCGCTAAATATATATTAATTAACAGGTGCATTAGAGTGAACAACAGTAGTTT 1650
Qy      1501  AATAGAAATTAATGCAATATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
Db      1651  AATAGAAATTAATGCAATATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1710
Qy      1561  AGCTTGTATCAAACTCTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
Db      1711  AGCTTGTATCAAACTCTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1770
Qy      1621  TATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1680
Db      1771  TATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1830
Qy      1681  TATTTACATTTAGATTTGATAGCTGACAAATGAGTGTCTGAAAATATCTCTTCTTAATATCT 1740
Db      1831  TATTTACATTTAGATTTGATAGCTGACAAATGAGTGTCTGAAAATATCTCTTCTTAATATCT 1890

```

```

Qy      1741  CTTACATATACAGAGATTAATAGGAATATACCACTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGGT 1800
Db      1891  CTTACATATACAGAGATTAATAGGAATATATACCACTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGGT 1950
Qy      1801  ACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1860
Db      1951  ACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2010
Qy      1861  ACATTAACCTTTAATGGAACATACCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1920
Db      2011  ACATTAACCTTTAATGGAACATACCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2070
Qy      1921  ATTTATATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1980
Db      2071  ATTTATATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2130
Qy      1981  GAAAAACAAAATTTAGAAATCTATCCAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2040
Db      2131  GAAAAACAAAATTTAGAAATCTATCCAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2190
Qy      2041  AAAAATACCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2085
Db      2191  AAAAATACCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2235

RESULT 3
ADR89394
ID   ADR89394 standard; cDNA; 2208 BP.
XX
AC   ADR89394;
XX
DT   18-NOV-2004 (first entry)
XX
DE   AXMT-006 coding sequence.
XX
KW   ss; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;
KW   expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;
KW   lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;
KW   pesticidal activity.
XX
OS   Bacillus thuringiensis.
XX
FH   Key      Location/Qualifiers
FT   CDS      1..2208
FT           /*tag= a
FT           /product= "AXMT-006"
FT
PN   WO2004074462-A2.
XX
PD   02-SEP-2004.
XX
PE   20-FEB-2004; 2004NC-US005829.
XX
PF
XX
PR   20-FEB-2003; 2003US-0448632P.
XX
PR   20-FEB-2003; 2003US-0448633P.
XX
PR   20-FEB-2003; 2003US-0448797P.
XX
PR   20-FEB-2003; 2003US-0448806P.
XX
PR   20-FEB-2003; 2003US-0448810P.
XX
PR   20-FEB-2003; 2003US-0448812P.
XX
PR   19-FEB-2004; 2004US-00781979.
XX
PR   19-FEB-2004; 2004US-00782020.
XX
PR   19-FEB-2004; 2004US-00782096.
XX
PR   19-FEB-2004; 2004US-00782141.
XX
PR   19-FEB-2004; 2004US-00782570.
XX
PR   19-FEB-2004; 2004US-00783417.
XX
PA   (ATHE-) ATHENIX CORP.
XX
PI   Carozzi N, Hargies T, Kozziel MG, Duck NB, Carr B;
XX
XX   WPI; 2004-635574/61.
XX
DR   P-PSDB; ADR89395.

```



XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids  
PT and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or  
PT for producing organisms with pesticide resistance.

XX PS Claim 1; SEQ ID NO 6; 178bp; English.

XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-  
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start  
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.  
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs  
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and  
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for  
CC killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the  
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are  
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,  
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for  
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-  
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the  
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or  
CC nucleic acids in products or organisms.

XX Sequence 2208 BP; 842 A; 377 C; 308 G; 681 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 86.1%; Score 1794.4; DB 13; Length 2208;  
Best Local Similarity 92.7%; Pred. No. 3.9e-290;  
Matches 1908; Conservative 0; Mismatches 141; Indels 9; Gaps 2;

QY 1 ATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGTATATTCGAGACATTTGCTAGTGTGATACA 60  
DB 154 ATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGTATATTCGAGACATTTGCTAGTGTGATACA 213  
QY 61 ATTGTGTGAGTATGTCAGGTAATTTGTATCCGTAATCTGTTAGCCGGTATAGTGGG 120  
DB 214 ATTGTGTGAGTATGTCAGGTAATTTGTATCCGTAATCTGTTAGCCGGTATAGTGGG 273  
QY 121 CTCACCTTATATCCGACCGATATGGAATATAGTGTCTATATATATCTTTGGTACC 180  
DB 274 CTCACCTTATATCCGACCGATATGGAATATAGTGTCTATATATATCTTTGGTACC 333  
QY 181 CTAATCACTGTCTTTGGCCCGCGGAGAACAAAGAGTATGACAAATTTATT 240  
DB 334 CTAATCACTGTCTTTGGCCCGCGGAGAACAAAGAGTATGACAAATTTATT 393  
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTACAGAAAGATATAAACGCTAAAGTTA 300  
DB 394 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTACAGAAAGATATAAACGCTAAAGTTA 453  
QY 301 CAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTTACAAAGCTATATAGCATTTGATGATTGG 360  
DB 454 CAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTTACAAAGCTATATAGCATTTGATGATTGG 513  
QY 361 AGAAAATTTAAAGACTCAAGCTCTCGATTTACACCATCATCAGACTTACAAAGACT 420  
DB 514 AGAAAATTTAAAGACTCAAGCTCTCGATTTACACCATCATCAGACTTACAAAGACT 573  
QY 421 GCTTTGACTCTTTAAATTCGATTTGAGATGTTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480  
DB 574 GCTTTGACTCTTTAAATTCGATTTGAGATGTTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 633  
QY 481 GGTTCGAACTTTGAACCTTATTAACGCTATTTACCTATTTTATGCGCAGGCTCTAT 540  
DB 634 GGTTCGAACTTTGAACCTTATTAACGCTATTTACCTATTTTATGCGCAGGCTCTAT 693  
QY 541 TTTGATTTAAATTTATTAACAACAGGTCTGAATTTGGCTGATGATGAGATGACATATA 600  
DB 694 TTTGATTTAAATTTATTAACAACAGGTCTGAATTTGGCTGATGATGAGATGACATATA 753  
QY 601 CATCTTTCAAAATTTGAACCTTATGCTGAGACATCAGATGACTATTTATTAATTTTAAA 660  
DB 754 CATCTTTCAAAATTTGAACCTTATGCTGAGACATCAGATGACTATTTATTAATTTTAAA 813  
QY 661 GAAAATATATCTAAATATATAGTAACTATTGTGCAATTAATAAGAGACTAAATATA 720

DB 814 GAAAATATCTAAATATATAGTAACTATTGTGCAATTAATAAGAGAGACTAAATATA 873  
QY 721 CTTGAAACGAACTTAATATGATGAGATATTTAATGATATATGCAATATATGACT 780  
DB 874 CTTAGAGACGAAACCAATATGAAATGAGATATTTAATGATATATGCAATATATGACC 933  
QY 781 ATTACTGATATGATATGATATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATATGCAAAAT 840  
DB 934 ATTACTGATATGATATGATATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATATGACAT 993  
QY 841 TCAATAGGAGAAATGAGAGTAAAGAGATTAAGATGATGACACAGAGAAATTTATACA 894  
DB 994 TCAATAGGAGAAATGAGAGTAAAGAGATTAAGATGATGACACAGAGAAATTTATACA 1053  
QY 895 ACTGAAATAAATTTTGAACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAATCTGCTATATAG 954  
DB 1054 ACTGAAATAAATTTTGAATCGTCTTCTCAACTTGAAGTTCAACCAATCTGATAGCAGATG 1113  
QY 955 GAAATATATTTAACAACGTCAGGCTTATGATTTTCAATTTTATGATGATATATTT 1014  
DB 1114 GAAATATATTTAACAACGTCAGGCTTATGATTTTCAATTTTATGATGATATATTTT 1173  
QY 1015 TATACAAAATTTGAACGTCAGGATCGTTTATGATTTGCAATCGTAAATGATCT 1074  
DB 1174 TATACAAAATTTGAACGTCAGGATCGTTTATGATTTTCTTAAATCGATGACACT 1233  
QY 1075 ACTTATGCTACGACGAGAACTGAAATATATATATGAGAGAGAGAGTCCACCAACA 1134  
DB 1234 ACTTATGCAATATCTATATATGAAACTTTATATGAGAGAGAGAGTCCACCAACA 1293  
QY 1135 AAAATTTAATACATTTGATTTCTTAAATTTCAATTTGATATGATATGATGATGATGAT 1194  
DB 1294 AAAATTTAATACATTTGATTTCTTAAATTTCAATTTGATATGATGATGATGATGAT 1353  
QY 1195 CCTACTTCCCTTTTCTTAACTATATCTTCAATTTATCAATTTGATATTTAAT 1254  
DB 1354 CCTACTTCCCTTATTC--AACCAACTTTTATATTTATTTAATTTAATTTAATTTAAT 1410  
QY 1255 AATTCACCTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1314  
DB 1411 GGTCTATTAACAACACTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1470  
QY 1315 ACACTGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGAGCTGTAACCAATTTATTAATTTAATTTGT 1374  
DB 1471 ACACTGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGAGCTGTAACCAATTTAATTTAATTTGT 1530  
QY 1375 TTACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTC 1434  
DB 1531 TCACCAAGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTCC 1590  
QY 1435 TATTAATTTGATTAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1494  
DB 1591 TATGATTTGATTAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1650  
QY 1495 AGTGTATTAAGAAATTAATGCAATATCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1554  
DB 1651 AGTGTATTAAGAAATTAATGCAATATCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1710  
QY 1555 GGTAAAGCTTTGATTAACAACCTTAAGATTTTGAAGAGCTGCTCATACAGAGAGAAAC 1614  
DB 1711 GGTAAAGCTTTGATTAACAACCTTAAGATTTTGAAGAGCTGCTCATACAGAGAGAAAC 1770  
QY 1615 TTGGTTTATTTTAAAGAGCTTAAGATTTATGATTAATTAATTAATTAATTTATTTACA 1674  
DB 1771 TTGGTTTATTTTAAAGAGCTTAAGATTTATGATTAATTAATTAATTAATTTATTTACA 1830  
QY 1675 CAATCTTATTAATTTAAGCTTCAATGATGCTCAATTTGATGATTAATTTATTTTCTTAT 1734  
DB 1831 CAATCTTATTAATTTAAGCTTCAATGATGCTCAATTTGATGATTAATTTATTTTCTTAT 1890  
QY 1735 ATATCTTTAACAATTAACAGAGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1794



```

Db      2429 TAAAACTCAAGTGTATAGCTTTGGCTTGACACACTGTAGTGTGATCTTAAAAATACAT 2488
Qy      1518 ATCAGATTAATTAATTAATGATCCAGCAATCAAGGTAAAGCTGTGATACAACTC 1577
Db      2489 TTATACATTAATTAATTAATGATCCAGCAATCAAGGTAAAGCTGTGATACAACTC 2548
Qy      1578 TAAAGTAAATGAGACCTGTGTATACAGAGAAATCTGTTATTTACAAAGTCAAG 1637
Db      2549 TAAAGTAAATGAGACCTGTGTATACAGAGAAATCTGTTATTTACAAAGTCAAG 2605
Qy      1638 GCGTTTACAGTATACAGTACAGTCTCTAATTTACACATCTTATTAATTAATTAATTCG 1697
Db      2606 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2662
Qy      1698 ATAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1757
Db      2663 TTATGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2722
Qy      1758 AATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1817
Db      2723 AGCAGAACTG---GGTATGACACTCAACCCCACTTTTCTGTACAGATTAATTAATTCG 2779
Qy      1818 ACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1877
Db      2780 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2839
Qy      1878 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1934
Db      2840 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2899
Qy      1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1994
Db      2900 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2959
Qy      1995 AGAACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2054
Db      2960 AGAACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 3019
Qy      2055 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 3070
Db      3020 ATCAAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 3070

RESULT 5
AA93059
ID      AA93059 standard; DNA; 4571 BP.
XX      AC      AA93059;
XX      DT      27-AUG-2003 (revised)
XX      DT      25-MAR-2003 (revised)
XX      DT      30-MAY-1990 (first entry)
XX      DE      Delta-endotoxin crystal protein gene.
XX      KW      Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; pch130; ss;
XX      KW      biological control agent.
XX      OS      Bacillus thuringiensis; israeliensis.
XX      FH      Key      location/Qualifiers
XX      FT      RBS      879..884
XX      FT      misc_feature 891..4430
XX      FT      /label= Shine-Dalgarno sequence.
XX      FT      /tag= a
XX      FT      /product= "delta-endotoxin crystal protein"
XX      PN      EP296870-A.
XX      PD      28-DEC-1998.
XX      PF      24-JUN-1988; 88EP-00305772.

```

```

XX      26-JUN-1987; 87US-00067653.
PR      (DUPO) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.
XX      PA      Eilar DJ, Ward ES;
XX      PI      WPI; 1989-001322/01.
XX      DR      P-PSDB; AAP93715.
XX      FT      DNA fragment encoding insecticidal protein - obtd. from Bacillus
XX      FT      thuringiensis sub species israeliensis, and used in microorganisms and
XX      FT      plant cells.
XX      PS      Disclosure; Fig 7; 26pp; English.
XX      CC      The sequence encodes the 130 kDa delta-endotoxin gene from B.
XX      CC      thuringiensis subsp. israeliensis and is a 4.46 kb insert of pch130. The
XX      CC      delta endotoxin protein is insecticidal and can be used to control insect
XX      CC      pests esp. mosquitos. See also AA93054. (Updated on 25-MAR-2003 to
XX      CC      correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX      SQ      Sequence 4571 BP; 1678 A; 685 C; 817 G; 1391 T; 0 U; 0 Other;

Query Match      16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 4571;
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 1,1e-46;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 655; Indels 38; Gaps 7;

Qy      499 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 558
Db      1494 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1553
Qy      559 CAACAGTGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 618
Db      1554 AATCAACCGTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 613
Qy      619 CTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 678
Db      1614 CTTTGGC---MAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1670
Qy      679 AGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 738
Db      1671 AGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1730
Qy      739 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 798
Db      1731 AGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1790
Qy      799 ATGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 858
Db      1791 ACTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1850
Qy      859 GGCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 918
Db      1851 GGTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1903
Qy      919 ACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 978
Db      1904 AAGCCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1963
Qy      979 CTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1038
Db      1964 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2023
Qy      1039 AATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1097
Db      2024 TTTTTCACGACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2083
Qy      1098 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1157
Db      2084 TAGGTTTGGAAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 2143
Qy      1158 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTCG 1217

```

```

Db      2144 TATTTATATTTTATTTTATTAATGTCATAGCTTATGATTAATAATATCTAAATGATTTATA
Qy      1218 ATACTTACATTTATCAAAATGAACTTTATTTTAAATTAATTCACCTAGTATATAATTAAC
Db      2204 TAAATTTAGTAAATGATTTTATTTATTAATGATGATGATGATTTGGAGAAAGAACT
Qy      1278 ATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAAATGATTAATAAACAATGATTTTCAATTTCTGT
Db      2264 TACAGCAGATCTGGGCAAAATTAATTAATGATTAATAAATAATTTTGGGTTACCAAT
Qy      1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTAATCCAAATTTGTTTACCAAGCTATTAATGTTTAG
Db      2324 TCTTAAACGAGAGATCAAGGAAACCTTACCTTTTCCAAATATGATTAATGAT
Qy      1398 TCAATTTTATCCAGTTTCTTATTTATTAATTTATTCCTAATAATGATTAAGGCTAAA
Db      2384 TCAATTTTATCATTTTATTTAAAGTCTTAGTATCC-----TGCACATTA
Qy      1458 TATATTATATACAGTGCATTTAGATGACACACAGTATGTTTATTAATAATATGCAAT
Db      2429 TAAAACTCAAGTATACGTTTGTGCTTGACACACTAGTGTGATCTTAAATAATACAT
Qy      1518 ATCAGATTAATAATTAATTCATGATCCAGCAATGAAAGTAACTGTTGATACAACTC
Db      2489 TTTATACATTTTATCTACCCAAATTCAGCTGTAAAGCGAATTCACCTGGAGCTGCTC
Qy      1578 TAAAGTATTAAGAGCCTGCTCATACAGAGGAAACTGGTTATTTTACAAAGTCAAG
Db      2549 TAAAGTGTCTCAAGAGCCTGCTCATACAGAGGAACTTTAATTAATTAATCAAGATCA---
Qy      1638 GCGTTTAAAGATTAATCATGTAAGAACTCTTAATTTACAAATCTTATTAATTAATTT
Db      2606 ---TTTCAAAATTAATCATGTCAACACTCAAAATTTTCAAAATCGATTTTAAAGAAATTCG
Qy      1698 ATACGCTTAACAAATGCTGCTGAATTAATCTTCTTAATTAATCTTTCATATCCAGAGT
Db      2663 TTAATGCTTCAAAATGGAAGCGCAATTAATCTGATTAATTAATCTTGTATCCAGGGGT
Qy      1758 AATGAAATTAACACTCAAGACTCAACAACTTTTCTGTTTCAAAATTAATTAATTT
Db      2723 AGCAGAACTG---GATATGCACTCAACCCCACTTTTCTGTTTCAAAATTAATTAATTT
Qy      1818 ACAATACGAGATTTGGGTAATTTCAATTTCAAGTAACTTAATCACTTAAATTCG
Db      2780 AAAATATTAAGATTTTCACTAGTATTAATTTTCAAGAGGTAAATTTGCTCAAAATCA
Qy      1878 AAACATACATTTATTTATTTATGCTGCAATGAT---CAATTTCAATTTTATCATTTGA
Db      2840 AAACATATCTCTGTTGTTTATCTGATGATTAATTAACAAACAAACAGTACTTATTTGA
Qy      1935 TAAATTTGAATTTTATACCAATTAATCTTCTGTTGCGCAAAATTAAGAAAAAATTT
Db      2900 TAAATTTGAATTTTCTGCAATTAATCTGTTCTATTAAGAGAGATTAAGAGAAAAATTT
Qy      1995 AGAAATCTATCCAAACAAAAATTAATTAATTTTCACAATCATCAAAAAATTTCTTTAA
Db      2960 AGAAACGATCAACAAATTAATTAATTAATTTATGCAAAATCTTAATAAACCCTTTACA
Qy      2055 TATTAAGCCCAACAACTATGATTTGATTA
Db      3020 ATCAGAACTTACAGATTAATGACATAGATCA

```

RESULT 6  
 ID AANB1490 standard; DNA; 4934 BP.

XX AANB1490;  
 AC  
 XX  
 DT 24-OCT-2003 (revised)  
 DT 05-NOV-1990 (first entry)  
 ,XX

```

DE Insecticidal (Diptera) protein gene.
XX Insecticidal protein gene; Diptera; Aedes; ss.
XX Bacillus thuringiensis serovar israelensis.
OS
FH
FT CDS
FT 1..4908
FT /product= "Insecticidal protein"
FT /tag= b
FT Intron
PN JP63230090-A.
PD 26-SEP-1988.
PE 19-MAR-1987; 87JP-00066844.
PR 19-MAR-1987; 87JP-00066844.
PR (SUMO) SUMITOMO CHEM IND KK.
PA
DR WPI; 1988-311968/44.
DR P-PDB; AAP81034, AAP82589.
XX
PT New insecticidal protein of bacillus thuringiensis israelensis strain -
PT prep. by isolating plasmid contg. insecticidal protein gene by forming
XX gene library from plasmid deoxyribonucleic acid, etc.
XX
PS Disclosure; Page 7; 9pp; Japanese.
CC A plasmid contg. the gene is isolated by forming a gene library from
CC plasmid DNA of B. thuringiensis israelensis (HD 522 strain, USA Goldberg
CC OMR60) followed by screening with anti-israelensis insecticidal protein
CC Ig. The insecticidal protein is highly effective against Diptera, esp.
CC Aedes. (Updated on 24-Oct-2003 to standardise OS field)
XX
SQ Sequence 4934 BP; 1797 A; 749 C; 877 G; 1511 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 4934;
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 1,1e-46;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;

Qy 499 TATTAACGCTATTAATCACTATTTATGCGCAAGCTGTAATTTTCAATTTAATTAATTA
Db 1972 TATTAACGCTATTAATCACTATTTATGCGCAAGCTGTAATTTTCAATTTAATTAATTA
Qy 559 CAACAGGCTGTAATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG
Db 2032 AATCAAGCGTCAAAATTTGAAGGATTTTAAAAAACAATGCAATTCGATTTATTAAGAG
Qy 619 CCTAATGCTGGAACATCAATGATGATTTTAAATTTTAAAGAAATTAATTAATTAATTA
Db 2092 CTTTGGC--AACACCAATTAATTTATTTATTCAGTATTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Qy 679 AGTACGATTTGCAATTAATTTTATGAGAGGCTAATTAATTTTGAAGAGGCTAATTTA
Db 2149 ACTAATTTATTTGTTAACAATTTTAAAGAGGCTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Qy 739 ATGAGATGAGATTAATTTATTAATTTATGAGAGGCTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Db 2209 AGTAAATCTGATGAGATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Qy 799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Db 2269 ACTGCTGATTTATGATTTGTTGCACTTTCTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Qy 859 GGCATTAATACTGAAGCTTCAAGAGAAATTTATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTA
Db 2329 GGTGTCATCTGAAGCTTCAAGAGAAATTTAT-----CAGTCTTATTAATTTAATTTA
Qy 919 ACTTACCTTGAATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTA

```

```

Db      2382 AAGCCCTATAAATATGACTTTCAATATCAAGAGATTCACTTACACGTAGACGCA 2441
Qy      979 CTGATATATTTTCACTTTTGAGTGAAGTATATTTTATACAAAAAGAAACGTAGGG 1038
Db      2442 TTTATTTTACCTGGCTTGATCTTTGAAATTTTATGAAAAACGCAACTACTCTCTAAATTA 2501
Qy      1039 AATGTTTATGTTGATGCGAATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAATGA 1097
Db      2502 TTTTTCACGACGCAATTAATATGTTTCACTTACACACTTGTATATATCCAAAAATC 2561
Qy      1098 AATTATATATGAGAAAAGAACAGGTCCACCAACAAAACTTTAATACATTTGAATC 1157
Db      2562 TAGGTTTTTCGAAATCACAATGTAATGATTAATTAATCTCTGTTGGCAACAAA 2621
Qy      1158 CTATTAAGTTTCAATGTTAATGATAGCAAGTAACTCTTCCCTTTTCTTAAT 1217
Db      2622 TATTTATATTTTATTAATTAATGTCATAGCTTATATTAATTAATTAATGATTA 2681
Qy      1218 ATACTTCAATTAATCAAAATTTGAACCTTATTAATTAATTAATCACTAGTAAATTAAT 1277
Db      2682 TAAATTTTGTAAATGCAATTTTATTAATTAATTAATGATCTTGGAGAAAGAACT 2741
Qy      1278 ATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1337
Db      2742 TACAGCAGGATCTGGGCAATTAATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2801
Qy      1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1397
Db      2802 TCTTAAACGAAGAGATCAAGAAACCTTACCTTTTCCACATATGATTAATTAAT 2861
Qy      1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1457
Db      2862 TCATATTTTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2906
Qy      1458 TATATTAATTAATCAAGTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1517
Db      2907 TAAATCTCAAGTATATGATTTTGTGTCGACACACTGATGTTGATTCCTAAATTAAT 2966
Qy      1518 ATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1577
Db      2967 TTATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3026
Qy      1578 TAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1637
Db      3027 TAAAGTGTTCAGAGCTGTCGTCATACAGAGGGGATTAATTAATTAATTAATTAAT 3083
Qy      1638 GCGTTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1697
Db      3084 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3140
Qy      1698 ATACGCTACAAATGCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1757
Db      3141 TTATGCTTCAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3200
Qy      1758 AATGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1817
Db      3201 AGCAGAACTG---GGTATGCACTCAACCCACTTTTCTGTCAGATTAATTAATTAAT 3257
Qy      1818 ACAATACGAGATTTTGGGTAATTTCCAAATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1877
Db      3258 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3317
Qy      1878 AAACATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1934
Db      3318 AAACATATCTCTGTTTAAATCTGTCGATGATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3377
Qy      1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1994
Db      3378 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3437
Qy      1995 AGAACTATCAAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2054

```

```

Db      3438 AGAAACAGTACAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3497
Qy      2055 TATGAGCGCAACAACTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2085
Db      3498 ATCAGAACTTACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3528

RESULT 7
AAQ14669
ID AAQ14669 standard; DNA, 3543 BP.
XX
AC AAQ14669;
XX
DT 27-AUG-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 04-FEB-1992 (first entry)
XX
DE Dipteran active toxin gene.
XX
KW Insecticide; B.t. crystal; delta endotoxin; cryIIA, ss.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 1..3543
FT /*tag= a
XX
EN EP457498-A.
XX
PD 21-NOV-1991.
XX
PE 09-MAY-1991; 91EP-00304180.
XX
PR 15-MAY-1990; 90US-00524255.
PR 01-OCT-1990; 90US-00590903.
XX
PA (MYCO ) MYCOGEN CORP.
XX
PI Sick AD;
XX
DR WP1; 1991-341902/47.
DR P-PSDB; AAR14373.
XX
PT Bacillus thuringiensis genes encoding dipteran-active toxins - and
PT transformed microbes used to control insects in various environments.
XX
PS Claim 1; Page 10; 20pp; English.
XX
CC The sequence was obtd. from plasmid pMYC1625 which was isolated from a
CC genomic library prepd. from DNA from B.t. PS71M3 (from B.t. PS71M3-69
CC (NRRL B-18515)). It is related to the cryIIA family of genes, the 140 kD
CC endotoxin gene and the type II gene from B.t. var. israelensis. The gene
CC encodes a 130 kD protein. Microorganisms transformed with the DNA may be
CC administered to dipteran insects or their environments, the expressed
CC toxin acting as an insecticide. See also AAQ14670-014672. (Updated on 25
CC -MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS
CC field.)
XX
SQ Sequence 3543 BP; 1278 A; 567 C; 612 G; 1086 T; 0 U; 0 Other;
XX
Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 2; Length 3543;
Beet Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.7e-46;
Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;
Qy 499 TATTAACGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 558
Db 604 TATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 663
Qy 559 CAACAGGTGCTGAATGCTGATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAATGAAT 618
Db 664 AATCAAGCCGTCAAATTTGAAGCGTATTTTAAACAAATGACAAATTCGATTAATTAATTAAT 723
Qy 619 CCTAATGCTGGAACATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 678

```

```

Db      724 CTTTGGCC---AACAGCATTTGATTTATTCACGATTTGACTTAAGCATTAAGAGATTAC 780
Qy      679 AGTAATCTATTGTGCAAAATPACCTATAGAGAGACATAATAAATCACTGAAACGAACCTAAT 738
Db      781 ACTATATTTGTGTGACACTTATTAATAAAGATTAATTTAATTAATAACGACGCTGAT 840
Qy      739 ATGAGATGAGATATATTAATGATTAATGAGATATATGACTATATCTGATATGATATCT 798
Db      841 AGTAATCTTGATGGAATAATATACTGGAAACATACATACGATATGATGCAACAAAATGACT 900
Qy      799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGATATCAAAATTCATATGAGAGATATGCT 858
Db      901 ACGTCTATATTAATCTTGTGTGCACTCTTCTTAATATGATATGATGTAATATATCCATA 960
Qy      859 GGCAATTAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATATCAATGTAATTAATTTTGAACCGCTT 918
Db      961 GGTGTCCATCTGAATCTTACTCGAATAATTTAT-----CAGTACTTAACCTTCGAGA 1013
Qy      919 ACTTACCTTGAATTCACCAATCTGCTATTAATGGAATATTAATTTAACAAGTTCAGGG 978
Db      1014 AAGCCCTATTAATATATGACTTCAATATCAAGAGATTCATTAAGGTATACCGCA 1073
Qy      979 CTATGATATTTTATTTTATGATGAACCTATATTTATATCAAAAATGAAACGTACGG 1038
Db      1074 TTTATTTACTGCTGATATCTTGTGAATTTTATGAATAAAGCCGAACCTACTCTAATTA 1133
Qy      1039 AATGTTTAACTGATATGCAATCTGATATGATCTTCT-ATGCTACGACAGGACTGA 1097
Db      1134 TTTTTCACGACGCAATTAATATATGTTTCTATTAACACTTGATATATATCCAAAATC 1193
Qy      1098 AATTATATATGAGAAAAGAACAGGTCCACCAACAACAACTTAAATACATTTGATC 1157
Db      1194 TAGGTATTTTGAATATCAATGTAATCTGATTAATTAATATCTTGTGTTGGCAACAA 1253
Qy      1158 CTATAAAGTTTCAATTTGATGTAAGTATGACAGTATCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 1217
Db      1254 TATTTATATTTTATTTATTAATGTCATAGTATGATTAATTAATCTTAATGATTTAA 1313
Qy      1218 ATATCTTACATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1277
Db      1314 TAAATTTATGTAATATGATTTTATTAATGATATGATATGATATGATATGATATGAT 1373
Qy      1278 ATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAACAATGATTTCAATTTCTGT 1337
Db      1374 TACGACAGATCTGGGCAATTAATCTATGATGATTAATAAATAATTTTCGGTTACCAAT 1433
Qy      1338 AAAAAAAGCTGTAACCAATTAATTAATCCAAATTTTACCAAGCTATTAATGATTAATG 1397
Db      1434 TCTTAAACCAAGAGATCAAGCAATCCCTATCCCTTTTCCAAATATGATTAATCTATG 1493
Qy      1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTTATTTATTAATTAATTTCCATTAATTAATGATTAATG 1457
Db      1494 TCATATTTTATCATTTATTTAATAAGCTTTATGATATCC-----TGCACATA 1538
Qy      1458 TATATTAATATACAGTGCATTAAGATGAGACACAGATGATTAATTAATAATAATGCAAT 1517
Db      1539 TAAATCTCAAGTATATGTTGTTGGACACATCTATGATGATCTTAATAAATAATCAAT 1598
Qy      1518 ATCAGATTAATAATTAATTAATGATCCCAAGCATCAAAAGGTATACAGTCTGATTAACA 1577
Db      1599 TTAATACATTTAATCTACCCAAATTCAGCTGTAAAGCGAATTCACCTGGGACATGCTTC 1658
Qy      1578 TAAAGTATTAAGAGACCTGCTCATACAGAGAACTGTGTTATTTAATTAACAATCAAG 1637
Db      1659 TAAAGTATTAAGAGACCTGCTCATACAGAGAACTGTGTTATTTAATTAACAATCAAG 1715
Qy      1638 GCGTTTAAAGATTAATCATGATGAACCTCTTAATTTTACCAATCTTATTAATTAATG 1697
Db      1716 ---TTTCAAAATTAATCATGATGAACCTCAAAATTTTCACAATCTGATTTTAAGAATTC 1772
Qy      1698 ATACGCTACAAATGCTGTAATATCTTCTTAATTAATCTTATTAATTAATCAAGAGT 1757

```

```

Db      1773 TTAATGCTCAATTAAGAGGCAAAATACAGAGCTGTTAATTAATCTTAATCCAGGG- 1831
Qy      1758 AATAGGAATATACCACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGGTATCAAAATTAATTAATTT 1817
Db      1832 --TAGCAAACTGGGATATGACACTCAACCCACTTTTCTGGTATCAAAATTAATTT 1889
Qy      1818 ACAATACGAGATTTTGGTATTTCCAAATTTCCAAATGATTAACATTAACCTTAATG 1877
Db      1890 AATATTAATAAGATTTTCAATGATTAATTTCTAATGAGAGGAAATTTGCTCCAAATCA 1949
Qy      1878 AATCATACATTAATTAATTAATGATGATAT--CAATTCATTTTATATCTTGA 1934
Db      1950 AATCATATCTCTGTTTAAATGCTTGGATGATATTAACAAACAGATCTTAATTA 2009
Qy      1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1994
Db      2010 TAAATTAATTAATTTCTCCAAATTTCTGTTCTATTAAGAGAGATGAGAAACAAATTT 2069
Qy      1995 AGAACTATTCAAACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2054
Db      2070 AGAAACAGTACAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2129
Qy      2055 TATAGAACCAAACTATGATTTGATTA 2085
Db      2130 ATCAGAACTTAACAGATTAATGACATGATCA 2160

RESULT 8
AA081178
ID AA081178 standard; DNA; 3543 BP.
XX
AC AA081178;
XX
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 12-AUG-1995 (first entry)
XX
DE B.t. toxin PS71M3 gene.
XX
KM Delta-endotoxin; crystal protein; biological control agent; Calliphorid;
KM screw-worm; sheep blowfly; Lucilla; Phormia; Calliphore; insecticide;
KM pesticide; B.t.; 86.
XX
OS Bacillus thuringiensis.
XX
PN MO9502694-A2.
XX
PD 26-JAN-1995.
XX
PF 13-JUL-1994; 94MO-US007902.
XX
PR 15-JUL-1993; 93US-00093199.
XX
PA (MYCO ) MYCOGEN CORP.
XX
PI Hickie LA, Payne J;
XX
DR WPI; 1995-067338/09.
XX
DR P-PSDB; AAR63078.
XX
PT Method for controlling Calliphoridae pests - specifically utilises
PT Bacillus thuringiensis isolates or toxins.
XX
PS Disclosure; Page 36-38; 50pp; English.
XX
CC A library was constructed from Bacillus thuringiensis PS71M3 total
CC cellular DNA in lambda Gem-11. Plasmid pMTC1625, selected in Escherichia
CC coli, contained a 8.0 kb insert expressing a beta-endotoxin gene. This
CC was sequenced (AA081178). A cured, acrysaliferous B.t. host carrying
CC pMTC1625 produced a 130 kDa crystal protein (AAR63078) toxic to
CC calliphorids. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PN field.)
XX
SQ Sequence 3543 BP; 1278 A; 566 C; 612 G; 1087 T; 0 U; 0 Other;

```



Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 2; Length 3543;  
 Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.7e-46;  
 Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;

QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 558  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 558  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 604  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 604  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 559  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 559  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 664  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 664  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 619  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 619  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 724  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 724  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 679  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 679  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 781  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 781  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 739  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 739  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 841  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 841  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 799  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 799  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 901  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 901  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 859  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 859  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 961  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 961  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 919  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 919  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1014  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1014  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 979  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 979  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1074  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1074  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1039  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1039  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1134  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1134  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1098  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1098  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1194  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1194  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1158  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1158  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1254  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1254  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1218  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1218  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1314  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1314  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1278  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1278  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1374  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1374  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1338  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1338  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1434  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1434  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1398  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1398  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1494  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1494  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1458  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1458  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1539  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1539  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1518  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1518

DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1599  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1599  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1578  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1578  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1659  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1659  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1638  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1638  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1716  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1716  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1698  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1698  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1773  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1773  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1758  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1758  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1832  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1832  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1818  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1818  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1890  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1890  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1878  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1878  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1950  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1950  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1935  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1935  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2010  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2010  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1995  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 1995  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2070  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2070  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2055  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2055  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2130  
 QY TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2130  
 DB TATTAACGCTATTATCTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTTAATTTTCATTAAATTTATTA 2160

RESULT 9  
 AAD43974  
 ID AAD43974 standard; DNA; 4896 BP.

AC AAD43974;  
 DT 13-DEC-2002 (first entry)  
 DE Bacillus thuringiensis ssp. finitimus cry28a1 gene.  
 XX  
 KW Delta-endotoxin; cry26a1, cry28a1, insect-resistant plant; toxin;  
 XX transgenic host cell; insecticide; gene; ds.  
 OS Bacillus thuringiensis.  
 XX  
 FH Key location/Qualifiers  
 FT CDS 1129..4458  
 FT /tag= a  
 FT /product= "cry28a1 gene"  
 PN  
 XX  
 PD 28-MAR-2002.  
 PF 08-JAN-2001; 2001US-00756526.  
 PR 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.  
 XX  
 PA (MOTC/) MOJTECHOMSKA J A.  
 PA (LEWIT/) LEWITIN E I.  
 PA (ZALU/) ZALUNIN I A.  
 PA (REVI/) REVINA L P.  
 PA (CHBS/) CHESTUKHINA G G.



XX Wójcieszowska JA, Lewitlin EI, Zalunin IA, Revina LP;  
 PI Chestukhina GG;  
 XX WPI; 2002-403936/43.  
 DR P-PSDB; AAE26353.  
 XX Novel isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26a1 and  
 PT cry28a1 isolated from *Bacillus thuringiensis finitimus*, that encodes  
 PT toxin active against insects, useful for controlling insects.  
 XX  
 PS Claim 1; Page 33-37; 42pp; English.

CC The invention relates to isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules,  
 CC cry26a1 and cry28a1 isolated from *Bacillus thuringiensis finitimus*,  
 CC that encode a toxin that is active against insects. The invention is  
 CC useful for producing an insect-resistant plant, by introducing the  
 CC nucleic acid molecule into the plant, where the nucleic acid is  
 CC expressible in the plant in an effective amount to control an insect. The  
 CC invention is useful for producing a toxin that is active against insects  
 CC by obtaining the transgenic host cell and expressing the nucleic acid  
 CC molecule in the host cell, which results in the toxin that is active  
 CC against insects. The toxin is useful for controlling an insect by  
 CC delivering to the insect an effective amount of toxin. The invention is  
 CC useful for controlling insects. The toxin is useful for inhibiting the  
 CC ability of insect pest to survive, grow or reproduce, for limiting insect  
 CC -related damage or loss in crop plants, and to prophylactically treat  
 CC insect susceptible areas or plants to confer protection or resistance  
 CC against harmful insects. The present sequence is *Bacillus thuringiensis*  
 CC ssp. *finitimus* cry28a1 gene  
 CC  
 XX

SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;  
 Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 8.9e-18;  
 Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

QY 153 AGGTGCTATATATATCTTTGGTACCTTATCATCTGCTTTTGGCCCGGAGACA 212  
 DB 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTGGAACTTGCTCCGCTTGGCCTGATCCAGAGA 1352  
 QY 213 AGA---GAAACGATAGGACACAAATTTTAAATGAGAAATTTTGTGATACAC 269  
 DB 1353 AGATCCAAAATAATTTGTACAAATTTATGAAACAGGAAACCTTTAAATCAAC 1412  
 QY 270 GTTAAAGAAAGCATAAACAGTAAAGTTTCAACTTTGAGAGATTTAGACAATATT 329  
 DB 1413 AATTTTACAGCTTAAGAAATAGCATTTAGCTCATCTAAATGTTTAAAGATGATT 1472  
 QY 330 ACAAAGTATATATACGATTAGATGATTTGAGAAATTTAAAGACTACAAAGCTCTGG 389  
 DB 1473 AACGTACTATGAAAGACATTTATGATTTGAGAAAGAAATCAAGTCAAAATCTGCAG 1532  
 QY 390 ATTACCAACCATCATCAGCATTTACAAAGCTGCTTGACTTTAAATAGATTGAGAA 449  
 DB 1533 ATTGGTATTCACAGA-----GATTGAAA 1556  
 QY 450 TGTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAATTAAGAGCT 509  
 DB 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCCCAACTCCAACTTCCACGTTATGACATTT 1616  
 QY 510 ATTATCTATTTATTTATGCGAGAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAAGGTGC 569  
 DB 1617 ATTTATAGTTGCTATACAGAGCTGCAAAATTTACATTTGAATTTATTAACCAAGGTGT 1676  
 QY 570 TGAATGGCTGATGAAGGAATGAGATATATCATCTTCACAATTTGAACCTAATGCTGG 629  
 DB 1677 ACAATTTGCGGATGAAGGAATGAGATCAACCAATTTCAACAT-----GTTGAA 1727  
 QY 630 AACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTATGATTTG 689  
 DB 1728 GTATATCAGTACTTATTTATGACAGCTATTTGTTATATTTGAAAGATTTATTTATTTG 1787

QY 690 TGCATAATACCTATAGAGAGACTAAATTAACCTTGAGAAAGAACTTAATATGATGAG 749  
 DB 1788 CACCAAGACATACCATTAAGAGATTGAATCACCTTAAGATCGAAGAAATACATGGGA 1847  
 QY 750 TATATTTATGATTTATCGAAGATATATGATATTTATCTGATTTATGATATGCTCAATT 809  
 DB 1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTATTTGATCTTGTGCAACTTT 1907  
 QY 810 TTCTTTTATGATATA 825  
 DB 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

# RESULT 10

ADFF31301  
 ID ADFF31301 standard; DNA; 4896 BP.

AC ADFF31301,

DT 12-FEB-2004 (first entry)

DE *Bacillus thuringiensis* serovar *finitimus* pF2 DNA clone.

KW Cry28a1; cry28a1; delta-endotoxin; insect pest control;  
 KM transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; db.

OS *Bacillus thuringiensis* serovar *finitimus*.

FN Key Location/Qualifiers

FT CDS 1129..4458

FT /tag= a /product= "Cry28a1 delta-endotoxin protein"

PN US2003150018-A1.

PD 07-ANG-2003.

PF 15-JAN-2003; 2003US-00345020.

PR 07-JAN-2001; 2000US-0175158P.

PR 08-JAN-2001; 2001US-00756526.

PA (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.

PA (LEWI/) LEWITLIN E I.

PA (ZALU/) ZALUNIN I A.

PA (REVI/) REVINA L P.

PA (CHES/) CHESTUKHINA G G.

PI Wójcieszowska JA, Lewitlin EI, Zalunin IA, Revina LP;

PI Chestukhina GG;

DR WPI; 2003-697623/82.

DR P-PSDB; ADFF31302.

PT New isolated nucleic acid molecule encoding a toxin that is active

PT against insects useful for controlling insect pests or for conferring

PT insect resistance in plants.

PS Claim 7; SEQ ID NO 3; 42pp; English.

CC The present invention relates to the isolation of novel cry26a1 and  
 CC cry28a1 delta-endotoxin genes from *Bacillus thuringiensis* ssp.  
 CC *finitimus*. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also  
 CC disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and  
 CC compositions containing the toxins. The methods and sequences of the  
 CC invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to  
 CC confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone  
 CC that contains the coding sequence for cry28a1 delta-endotoxin.  
 CC  
 XX

SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;  
 Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 8.9e-18;

Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

QY 153 AGGTGCTATATATATCTTTGGTAACCTATATCACTCTCTTTGGCCCGGGAGAAC 212
Db 1293 AGGTGTGCTATATATCTTTGGTAACCTATATCACTCTCTCTTTGGCCCGGGAGAAC 1352
QY 213 AGA---CAAAAGATATGACACATTTATTTAAATGAGAAATTTTGTGATACACC 269
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTGTGACATTTTATGAAACAGGAGAAAGACCTTTTAAATCAAAC 1412
QY 270 GTTAAACAGAAAGCATTAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATAT 329
Db 1413 AATTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATCTATCTAATGTTTAAAGATGATTT 1472
QY 330 ACAAGCTATATATACAGATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGATACAGAGCTCTCG 389
Db 1473 AACGTAATTAAGAGCATTTAATGATTTGAGAAAGAAATCCAGTGAATATCTGCGAG 1532
QY 390 ATTACCACTATCATCAGATTTACAAAGAGCTGCTTGACTTTAAATAGAGTTTGAGAA 449
Db 1533 ATTGTATACAGA-----GATTTGAAAA 1556
QY 450 TGTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAAACGCT 509
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCAAACTCCAACTCCCACTGATGACAGATT 1616
QY 510 ATTACTACTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCTTTAATTTATTTACAAAGAGTGC 569
Db 1617 ATTATTTAAGTCTATACAGAGCTGCAAAATTTTCAATTTGATTTATACATCAAGGTGT 1676
QY 570 TGAATGGCTGATGAATGGAATGAGATATCATCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGG 629
Db 1677 ACAATTCGGGATCATGGAATGAGATCAACCATTTACCAAT-----GTTGAA 1727
QY 630 AACATCAGATGACTATTTAATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTAT 689
Db 1728 GTATCATGAGTACTATTTATGACAGCTATTTGTTATATTTGAAAGTATATTAATTTAT 1787
QY 690 TGCATAATCTTATAGAGAGGATTAATTAACCTTGAACAGACCTAATATGAGATGAG 749
Db 1788 CACCAAGCATATACATTAAGAGATTTGAATCACTTTAAGAAATCAGAAAAATCAGATGGA 1847
QY 750 TATATTTATGATTAATGAGATATATGATTAATCTGATTTAGTACTATGCTGCAATT 809
Db 1848 TGTCTTATACATATCTGCTGAGAAATGACCTTAATTTGATTTGATCTTGTGCGAAGCT 1907
QY 810 TTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 11  
ADP31306  
ID ADP31306 standard; DNA; 4896 BP.

XX  
XX ADF31306;  
XX AC  
XX 12-FEB-2004 (first entry)  
XX  
XX  
XX Bacillus thuringiensis serovar finitimus pf2 DNA clone.  
XX  
XX CRY26Aa1; cry28Aa1; delta-endotoxin; insect pest control;  
XX transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.  
XX  
XX Bacillus thuringiensis serovar finitimus.  
XX  
XX  
XX Key Location/Qualifiers  
XX FT 1129..4458  
XX FT /tag= a  
XX FT /product= "Cry28Aa1 delta-endotoxin protein"  
XX  
XX US2003154510-A1.

PD 14-AUG-2003.  
XX  
XX  
XX 15-JAN-2003; 2003US-00342821.  
PR 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.  
PR 08-JAN-2001; 2001US-00756526.  
XX  
XX (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.  
PA (LEMI/) LEWITIN E I.  
PA (ZALU/) ZALUNIN I A.  
PA (REVI/) REVINA L P.  
XX (CHES/) CHESTUKHINA G G.  
XX  
XX  
XX Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;  
XX Chestukhina GG;  
XX  
XX WPI; 2003-897757/82.  
DR P-PSDB; ADF31307.  
XX  
XX  
XX New delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26Aa1 and cry28Aa1, useful  
XX for controlling insect pests and for conferring insect resistance.  
XX  
XX  
XX Claim 7; SEQ ID NO 3; 42dp; English.  
XX  
XX  
XX The present invention relates to the isolation of novel cry26Aa1 and  
XX cry28Aa1 delta-endotoxin genes from *Bacillus thuringiensis* spp.  
XX finitimus. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also  
XX disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and  
XX compositions containing the toxins. The methods and sequences of the  
XX invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to  
XX confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone  
XX that contains the coding sequence for cry28Aa1 delta-endotoxin.  
XX  
XX  
XX Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;  
XX  
XX  
XX Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;  
XX Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 8.9e-18;  
XX  
XX Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

QY 153 AGGTGCTATATATATCTTTGGTAACCTATATCACTCTCTTTGGCCCGGGAGAAC 212
Db 1293 AGGTGTGCTATATATCTTTGGTAACCTATATCACTCTCTCTTTGGCCCGGGAGAAC 1352
QY 213 AGA---CAAAAGATATGACACATTTATTTAAATGAGAAATTTTGTGATACACC 269
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTGTGACATTTTATGAAACAGGAGAAAGACCTTTTAAATCAAAC 1412
QY 270 GTTAAACAGAAAGCATTAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATAT 329
Db 1413 AATTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATCTATCTAATGTTTAAAGATGATTT 1472
QY 330 ACAAGCTATATATACAGATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGATACAGAGCTCTCG 389
Db 1473 AACGTAATTAAGAGCATTTAATGATTTGAGAAAGAAATCCAGTGAATATCTGCGAG 1532
QY 390 ATTACCACTATCATCAGATTTACAAAGAGCTGCTTGACTTTAAATAGAGTTTGAGAA 449
Db 1533 ATTGTATACAGA-----GATTTGAAAA 1556
QY 450 TGTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAAACGCT 509
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCAAACTCCAACTCCCACTGATGACAGATT 1616
QY 510 ATTACTACTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCTTTAATTTATTTACAAAGAGTGC 569
Db 1617 ATTATTTAAGTCTATACAGAGCTGCAAAATTTTCAATTTGATTTATACATCAAGGTGT 1676
QY 570 TGAATGGCTGATGAATGGAATGAGATATCATCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGG 629
Db 1677 ACAATTCGGGATCATGGAATGAGATCAACCATTTACCAAT-----GTTGAA 1727
QY 630 AACATCAGATGACTATTTAATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTAT 689

```

Db 1728 GTCTACAGTACTTATTATGACGACTATTGGTATATATGAAAAAGTATATTATTTATG 1787  
Qy 690 TGCATAATACCTATAGAGAGACTAAATTAACCTTCGAACGAACTTATATGAGATGAG 749  
Db 1788 CACCAAGCATACATTAAGGATTTGATTCACCTTAAGGAATCAGAAAAATCACAATGGGA 1847  
Qy 750 TATATTTAATGATTTAGAGATATATGACTTATTAAGTATTAAGTATGCTCAATT 809  
Db 1848 TGCTTATTAACACATATGTCGAGAAATGACCTTATGATGATGATCTTGTGCAACTTT 1907  
Qy 810 TTTCTTTTATGATATA 825  
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923  
RESULT 12  
AAQ14670  
ID AAQ14670 standard; DNA; 2061 BP.  
XX  
AC AAQ14670;  
XX  
DT 27-AUG-2003 (revised)  
DT 25-MAR-2003 (revised)  
DT 04-FEB-1992 (first entry)  
XX  
DE Dipteran active toxin gene.  
XX  
DE Insecticide; B.c; crystal; delta endotoxin; cryIIC; ss.  
XX  
KM Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.  
XX  
OS  
XX  
FH Key Location/Qualifiers  
FT CDS 1..2028  
FT /tag= a  
XX  
XX EP457498-A.  
XX  
XX 21-NOV-1991.  
XX  
XX 09-MAY-1991; 91EP-00304180.  
XX  
XX 15-MAY-1990; 90US-00524255.  
XX  
XX 01-OCT-1990; 90US-00590903.  
XX  
XX (MYCO ) MYCOGEN CORP.  
XX  
XX  
XX Sick AJ;  
XX  
XX WPI; 1991-341902/47.  
XX  
XX P-PSDB; AAR14374.  
XX  
XX Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and  
XX  
XX PT transformed microbes used to control insects in various environments.  
XX  
XX  
XX  
XX Claim 1; Page 15; 20pp; English.  
XX  
XX The sequence was obcd. from plasmid pMYC1636 which was isolated from a  
XX  
XX genomic library prepd. from DNA from B.c. PS71M3 [from B.c. PS71M3-69  
XX  
XX (NRRL B-18515)]. It is related to the cryIIC from B.c. var. israeliensis.  
XX  
XX The gene encodes a 77 kd protein. Microorganisms transformed with the DNA  
XX  
XX may be administered to dipteran insects or their environments, the  
XX  
XX expressed on toxins acting as an insecticide. See also AAQ14669-Q14672.  
XX  
XX CC (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to  
XX  
XX correct OS field.)  
XX  
XX  
SQ Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.6%; Score 158; DB 2; Length 2061;

Best Local Similarity 48.3%; Pred. No. 3e-17;

Matches 999; Conservative 0; Mismatches 895; Indels 174; Gaps 13;

Qy 2 TGTGTCAAGGAATACACATATATGTGATTTTCGAGACTTTGCTAGTCTGATACAA 61  
||||| ||| ||||||| ||||| ||| ||||| ||||| |||

Db 149 TGTGTCAAGGAATACACATATATGCAATATATGCGGGGAATTTTGTAGTCTGAAACTA 208  
Qy 62 TTGCTCAGTATAGTACAGGACTACTATTTGATCCGGTACTGTTAGCCGGATATAGTGGC 121  
Db 209 TTTTGTGAGTATGAGAGATTTATTTGTATAGAACTATGTTAGAGCTTTTGTGCCCC 268  
Qy 122 TCACTTCTATATCCGACCGATAGAAATATAGTGTCTATATATATCTTTTGTGATCC 181  
Db 269 -----CTGTCTAGCTCAGGTATATATCTTTTGGAGCTT 304  
Qy 182 TATACATGTCTTTTGGCCCGCGGAGAAACAAGAAAACAGTATGACAACTTATTA 241  
Db 305 TGTTCGAGATCTTTTGCAAGATCTGACCTG--CAATGTTTGCGAGGATTTGTTAA 361  
Qy 242 AAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAGAAAGCAATTAACAGCTTAAGTTAC 301  
Db 362 ACATGGAGAGAGCGCTTATACAGAAATATGATTAATAACATATTAATGTACTACTT--- 418  
Qy 302 AAACCTTAGAAGGATTTAGCAAAATATTAACAAGCTATATATACAGCATTAAGATTTGA 361  
Db 419 ---CTATCGTAACCTATTAATAAATCAACTTGATTAATATCAAGATTTTGTGATTAAT 475  
Qy 362 GAAATTTAANAACATACAAAGCTCCGAGATTAACCAATCATACAGATTAACAAGCTG 421  
Db 476 GGGAGCGACGACATACACAGCTTAATGCTTAAGCAGTA-CATGATCTCTTACTACTTA 534  
Qy 422 CCTTGACTTTAATAATGATTTAGAAATGTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTG 481  
Db 535 GAACCTATATATGATTAAGTTTATGATTTGTTAA----- 571  
Qy 482 GTTTCGAACCTTGAATTAATAAGCTATATACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATT 541  
Db 572 -----ATAATGCTACTATCGAATACCAACTCCCTGATATGCAAAATAGCTACTT 625  
Qy 542 TTGATTTAATTTATTAACAAGAGGTGAATTTGCTGATAGATGGAATGCAATATAC 601  
Db 626 GGCATTAATTAATTAACAAGATGCTGCTACTATTAACAATATATGCTGCAAAATCAAG 685  
Qy 602 ATCCCTCACAAATGGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAG 661  
Db 686 GT-----ATAATCGAAGTACTTTCATTCATCTATTAATTAACGCGCTATTTAAAC 759  
Qy 662 AAAATATACCTAATATATGATTAATGCTGCAAAATCTATTAAGAGAGATTAATTAAC 721  
Db 740 GTAAATATACAAAGATATGACTATTTATTAACAAGTACATGACGAGCTAATCATGA 799  
Qy 722 TTGGAACGAACTAATATGAGATGAGATATTTATATGATTTGCAAGATATATAGTA 781  
Db 800 TTGAACCTAATTAACGCAACATGGAATATGATTAATTAATTAACGTTTGAATGATC 859  
Qy 782 TTACTGATTTAGTACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATATATTAAGATCAAAAGATT 841  
Db 860 TAATGTGTTAGTACTTATTTGCTATTTTCCAAATTAATGACCCAGAAAATA----- 911  
Qy 842 CAATAGAGAAATAGTGGCATTTAAACTGAACCTTAACAAGAAATTTATACACTGAAA 901  
Db 912 -----TCCAAATAGAGATTAATCTGAATCTGACAGAGAAAGTTTATACAAATGTTA 961  
Qy 902 TAAATTTGACCGCTTACTTACTTGAATTAACCAACCAATCGCTATATATGGAATATA 961  
Db 962 -----ATTGATATCAATTTGAACCATATACGAATCTGAAA 997  
Qy 962 ATTTAACAGCTTACAGGGCTAGATTAATTTTCAATTTTATTAAGTGAATTAATTTATACA 1021  
Db 998 ATGATTTAATTAATAATCTCACTTATTTACTTGAATTAACAAGGCGCTTTTATACAA 1057  
Qy 1022 AAAATGAACGTACGGGAATCGTTAGTGTATTCGAATCGTAATTAAGATTAATTAAG 1081  
Db 1058 GAAATCTGAGACATTTCTGATCTTAATGATATTTTCTTTTACAGGTAACCAATGG 1117  
Qy 1082 CTACGACAGAAATGGAATTAATATATGAGAAAGAACAGCTCCACCAACAACTT 1141  
Db 1118 CTTTACACATTAATTAATGATGCAACATATCTGGGAGCGTTTCAATGACATATTA 1177

QY 1142 TAATACCATTTGAATCCCTATTAAGTTTCAATTTGTAAGTATAGACAAGTAACTCTACTT 1201  
 DB 1178 TTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAAACAAACCTTATGATAGGTCG 1237  
 QY 1202 CCCCTTTCTTACATATATCTTTACAAATTAATCAAAATTTAAATTAATTAATTCAC 1261  
 DB 1238 AAATGTCAGACATAGAGTACTCAGATTAATATATGAAATGATATTTTTCGATA 1297  
 QY 1262 CTATTAATTAATTAATCAATTTCACTGCGGGGAATTTATCTAAATGATTAATAAACAATG 1321  
 DB 1298 GCAGTGAAGTATTTGATTCATCCAAATTCACAAATGAAATTAATTAATAAAGAACTG 1357  
 QY 1322 ATTTCAATTTCTGTAAAAAAGCTGTAAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTACCA 1381  
 DB 1358 ATTTCTATATGATTCCAAAACAAACATGAAAAATTAAGATATGATCTATGCT 1417  
 QY 1382 GCTATTAATGATTAATGATTAATTTATCCAGTTTCTTTATTAATTAATTCCTATAAA 1441  
 DB 1418 ATATAAAACTGATTAATTAATTAATTTTC----- 1445  
 QY 1442 TTGATTAAGCCCTAATATATTAATTAATGATGATGATGACACACATGATGTTA 1501  
 DB 1446 -----AGTATTAAGAAAAGAAAGAGTTCATTTAGTTGACACATCTAGTGTG 1498  
 QY 1502 ATAGAAATTAATGATATCAGATTAATTAATTAATTAATGATCCCAAGCAATCAAGGTACA 1561  
 DB 1499 ATTTCCAAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1558  
 QY 1562 GTCTTATTAATCAATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1621  
 DB 1559 AGTAAAGTTCGATTCGAAATTTGAAAGGTCCTGTCACACAGTGTGAACCTTGTGA 1618  
 QY 1622 ATTTAACAAGTCAAGGCGTTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1681  
 DB 1619 TTCTTAAGATTAATGATTTTAAAGTAAATTTTAAAAATGTTTCTGACAAAT--- 1675  
 QY 1682 ATTCATTAAGCTCGATAGCTCAAAATGATGCTGGAATTAATCTCTTAATTAATCTC 1741  
 DB 1676 ATCAAGTACGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTC 1733  
 QY 1742 TTCAATTAACGAGATTAATGAAATCCACCTCAACGATCAACGATCAACGATTCCTGTA 1801  
 DB 1734 AATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1783  
 QY 1802 CAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1859  
 DB 1784 CAATGCTACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1843  
 QY 1860 -----ACATTAACCTTTAAATGAAACATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1912  
 DB 1844 CAATTAACCAATTTGAAAGGAGAGACACTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1903  
 QY 1913 CAATTTCAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1972  
 DB 1904 ATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1963  
 QY 1973 AAAATTAAGAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2032  
 DB 1964 ATTTTACAGAGAACCAAAATTAAGAAAAACAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2023  
 QY 2033 ATTCATTAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2060  
 DB 2024 ATTTAAACCAATTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2051

RESULT 13  
 ID AAQ81180 standard; DNA; 2061 BP.  
 AC AAQ81180;  
 XX  
 DT 25-MAR-2003 (revised)

DT 12-AUG-1995 (first entry)  
 XX  
 DE B.t. toxin PS71M3 gene.  
 XX  
 KW Delta-endotoxin; crystal protein; biological control agent; Calliphoridae;  
 KW screw-worm; sheep blowfly; Lucilia; Phormia; Calliphora; insecticide;  
 KW pesticide; B.t.; ss.  
 OS Bacillus thuringiensis.  
 XX  
 EN W09502694-A2.  
 PD 26-JAN-1995.  
 XX  
 PE 13-JUL-1994; 94MO-US007902.  
 XX  
 PR 15-JUL-1993; 93US-00093199.  
 XX  
 PA (MYCO ) MYCOGEN CORP.  
 XX  
 PI Hickie LA, Payne J;  
 XX  
 DR WPI; 1995-067338/09.  
 DR P-PSDB; AAR63079.  
 XX  
 PT Method for controlling Calliphoridae pests - specifically utilises  
 PT Bacillus thuringiensis isolates or toxins.  
 XX  
 PS Disclosure; Page 42-43; 50pp; English.  
 XX  
 CC A library was constructed from Bacillus thuringiensis PS71M3 total  
 CC cellular DNA in lambda-Gem-11. Plasmid pMC1636, selected in *Bacillus*  
 CC coli, contained a 15 kb insert expressing a beta-endotoxin gene. This was  
 CC sequenced (AAQ81180). A cured, acrycallyiferous B.t. host carrying  
 CC pMC1636 produced a 77 kDa crystal protein (AAR63079). (Updated on 25-MAR  
 CC -2003 to correct PN field.)  
 XX  
 SQ Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.6%; Score 158; DB 2; Length 2061;  
 Best Local Similarity 48.3%; Pred. No. 3e-17;  
 Matches 999; Conservative 0; Mismatches 895; Indels 174; Gaps 13;

QY 2 TGTCTCAAGGAAATCAATCAATATGATTAATTTGACACTTGTCTAGTCTGATCA 61  
 DB 149 TGTCTCAAGGAAATCAATCAATATGCAATATGCGGGAATTTGTTAGTTCTGAAC 208  
 QY 62 TTGCTGAGTATGTCAGGTACTATTTGATCCGTAATCTGTTAGCCGTTAGGTGGC 121  
 DB 209 TTGTTGAGTTAGTGCAGGTATTTATTTGATAGGAATGTTAGAGCTTTTCTGCC 268  
 QY 122 TCACCTTAATTCGAGCCAGATAGAAATTAATGCTCTAATAATAATCTTTTGGTACC 181  
 DB 269 -----CTGCTTAAGCTGACGATTAATATCTTTTGGACTT 304  
 QY 182 TAATCATGCTTTTGGCCCGCGGAGAACAGCAAAACGATNGACAAATTAATTA 241  
 DB 305 TGTTCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCTG---CAATGTTTGGAGGATTTGTTAA 361  
 QY 242 AAATGGAGAAATTTTGTGATACACGTTAACAAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTAC 301  
 DB 362 ACATCGAGAGAGGCTTATCAAGAAATAGATTAATAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 418  
 QY 302 AAATCTTAAGAGATTAAGCAAAATTAATTAACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 361  
 DB 419 ---CTATCGTAAACCTTAATAAATAATCAACTTGAATAATCAAGAAATTTTCATTAAT 475  
 QY 362 GAAATTAATAAAGACTCAAGCTCTGATTAACCACTATCACTGATTAACAAGGTCG 421  
 DB 476 GGAAGCAGACGATCAACGCTAATGCTAAAGAGTA-CATGATCTTTTACACCTTA 534  
 QY 422 CTTGACTTTAAATTAATGATTTGAAGATGTTCAAAATGATTTTATTCGAGAAATTAAC 481

```

Db      535 GAACCTAATATAGATAAAGATTAGATATGTTAAAA-----571
Qy      482 GTTTCACACTTGAACCTTATMAAACGCTATTACTACCTATTATAGCGCAAGCTGTAAT
Db      572 -----ATATATGCTAGCTATCGAATACCAACAGTCCCTGATGATGCAAAATAGCTACTT
Qy      542 TTGATTTAAATTTTATTCACAAAGGTGCTGAAATGGCTGATGATGGAATGCAATAC
Db      626 GGCAGCTGAATTTATTTAAACATGCTGCTACCTATTACAATATATGCTGCCAAATCAAG
Qy      602 ATCCCTCACAAATGGAACCTAATGCTGGAACATGAGATGATATTAATTAACCTTTAAAG
Db      686 GT-----ATTAATCCAGATCTTTCATTCATCTAATTAATCTACAGGCTATTTAAAC
Qy      662 AAAATATACCTAAATATATATGTAATGTAATGTCMAATACCTATAGAGAAGACTAATTAAC
Db      740 GTAAATATACAGAAATATATGACTATGTAATACAAAGTAACATAGCAGACTAATCTGA
Qy      722 TTGGAACGAACTAATATATGATGAGTATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACTA
Db      800 TTGAACCTAATATCTTAACGCAACATGGAATATGTAATATCTTACCGTTTGAAGATGCTC
Qy      782 TTACTGATTAATGATCTCAATTTTCTTTTATGATATATTAAGATATTAAGATTAAGATT
Db      860 TAACGTGTTAGATCTTATGCTATTTTCCAAATTTATGACCCAGAAAATTA-----911
Qy      842 CAATAGGAAGAAATAGTGGAATTAACCTGAATTAACAAGAAATTTATPACAATGAAA
Db      912 -----TCCAAATAGAGATTAATCTGAATCTTACAGGAAGTTTATACGAATGTTA
Qy      902 TAAATTTGACCGCTTACTTACTTGAAATTCACCAATCTGCGTATATGGAATATA
Db      962 -----ATTCAATACATTTAGAACCATTAACGAAGCTGAAA
Qy      962 ATTTAACAGCTGACGGCTAGATTTTTCATTTTATGATGAACCTAATATTTTACAA
Db      998 ATGATTAATCTAGAAATCTCAATTTTCTTGATATGATATTTTCTTTTACAGTAACAGATG
Qy      1082 CTACGACGAGAACTGAAATTAATATATGAGAGAAAGAACAGCTCCACCAACAAAATT
Db      1118 CCTTTACACATCTAATATGATGATCGAACATTAATCTGGGAGCGGTTCAATGACATATTA
Qy      1142 TAATACATTTGAATCCTATTAAGTTCAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATG
Db      1178 TTTCTCAAGACATCCAAAGTATTTCTTTTATAGAAACAACTATGATTAAGGTG
Qy      1202 CCCCCTTTCTTAACATATCTTATCAATTAATCAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1238 AAATGTCAGACATAGAGAGTACTCAGATTAATATATGAAATGATATTTTTCGATA
Qy      1262 CTAGTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1298 GCAGTGAAGTATTCGATATTCATCAATTCAAATTAAGAAATTAATTAAGAAAGT
Qy      1322 ATTTTCATTTCCGTAAAAAAGCTGTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1358 ATTTCTTAATGATTCGAAACAAACATGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      1382 GCTAATAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1418 ATATAAAACTGATTAATTAATTAATTTTC-----1445
Qy      1442 TTGATTAAGCGCTAATATATTAATTAATCAAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1446 -----AGTAGTTAGAGAAAGAAAGAGTTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      1502 ATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1499 ATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT

```

```

Qy      1562 GTCTTGATACAACTCTAAGTAATGAAGACCTGCTCATACAGAGAAACTTGTT
Db      1559 AGGTAACTTCTGATTCGAAATTTGTAAGAGCTGCTGTCACACAGGTGAGACTTGTA
Qy      1622 ATTTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTAACATGTAAGTCTCTAATTCACAACTTT
Db      1619 TTCTTAAGATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATG
Qy      1682 ATTAACATTAAGTCTGATACGATACGATACAAATGCTGCTGGAATATCTTCTTAATATATC
Db      1676 ATCAATAGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATG
Qy      1742 TTACATTAACGAGATTAATGAATACACTTCACAGTCAACAACTTTTCTGTA
Db      1734 AATAGATTAATTAATGATGAGACTCCCTGATACCACTTCCCGCAAAAC-----C
Qy      1802 CAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1784 CAAATCTACAGATTTTAACATATGACAGATTTGATATGATATGATATGATATGATATGATATG
Qy      1860 -----AACATTACCTTTAAATCGAAACATACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1844 CAAATTAACATTTGAGAGAGAGACATTTATTAATGACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      1913 CAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      1904 ATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      1973 AAAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
Db      1964 ATTAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
Qy      2033 ATCATCAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2024 ATTAATAACAAAGTCTTACTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT

```

```

RESULT 14
ID AAN50525
AAN50525 standard; DNA; 3756 BP.
XX
AC AAN50525;
XX
DT 24-OCT-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 23-OCT-1991 (first entry)
XX
DE Bacillus thuringiensis var. israelensis endotoxin insert in plasmid
DE psy367.
XX
DE Endotoxin; insecticide; ss.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar israelensis.
XX
PN EP153166-A.
XX
PD 28-AUG-1985.
XX
PF 15-FEB-1985; 85EP-00301017.
XX
PR 22-FEB-1984; 84US-00582506.
PR 22-JAN-1985; 85US-00693556.
XX
PA (SYTR ) SYNPRO CORP.
XX
PI Walfield AM, Pollock TJ;
XX
DR WPI; 1985-211724/35.
XX
PT Polypeptide active against Diptera insects - prepd. from DNA sequence
coding for Bti endotoxin using bacterial host.
XX

```

PS Disclosure; Page 15a-e; 27pb; English.

XX The B. thuringiensis var. israelensis endotoxin insect in p5y367 is  
CC expressed in a bacterial host. The protein produced has insecticidal  
CC activity against dipteran insects. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA  
CC field.) (Updated on 24-Oct-2003 to standardise OS field)  
CC XX

Sequence 3756 BP; 1379 A; 566 C; 659 G; 1150 T; 0 U; 2 Other;

Query Match 7.1%; Score 148.2; DB 1; Length 3756;  
Beet Local Similarity 48.3%; Pred. No. 1.3e-15;  
Matches 1001; Conservative 0; Mismatches 893; Indels 177; Gaps 14;

Qy 2 TGTGTCAAGGGAATACACATATGATGATTAATTTGACACATTTGCTAGTGTATACAA 61  
Db TGTGTCAAGGGAATACACATATGATGATTAATTTGACACATTTGCTAGTGTATACAA 1148  
Qy 62 TTGCTCAGTTAGTGCAGGTAATATTTGATCCGTAATCTGTTAGCCGGTAAGTGGGC 121  
Db TTGTTGAGTTAGTGCAGGTAATATTTGATAGGAACATATGTTAGACCTTTTGCTGCC 1208  
Qy 122 TCACCTTATATCCGAGCCGATAGGAATATATGCTATATATATCTTTTGTACCC 181  
Db 1209 -----CTGTCTAGCTGACGTAATATATCTTTTGGACCTT 1244  
Qy 182 TAATCACTGTCTTTTGGCCGCGGGAACAAGACAAACAGTATGACACATTTATTA 241  
Db TGTGTCCGATCTTTTGGCAAGATGTGACCTG---CAATGTTTGGCAGATTTGTTAA 1301  
Qy 242 AAATGGGAAATTTTGTGATACACGTTAAACGAAGAACAATAACAGCTAAAGTTAC 301  
Db ACATCGGAGGAAGGCTTACAAAGAAATAGATTAATAATTAATGCTAACCTT--- 1358  
Qy 302 AAATCTTGAAGGATTTGACAAATTTTCAAGCTATTAATACGATTAAGATTTGGA 361  
Db 1359 ---CTATGTATACACCTTAAATAATCACTGTATTAATATCAAGAAATTTTTCGTAAT 1415  
Qy 362 GAAATTTAAAGACTACAGGCTCGGATTTACACGACATCATGACATTTACACAGCTG 421  
Db GGGAGCCGACGTCACACGCTAATGCTAAAGCGTA-CATGATCTCTTTACTACCTTA 1474  
Qy 422 CTTGACTCTTAAATACGATTTGAGATGTTCAACATGATTTTATTCGAGAAATACCTG 481  
Db 1475 GAACCTAATATAGATTAAGATTTAGATGTTAAAA----- 1511  
Qy 482 GTTTCACACTGAACTTATTAACGCTATTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGTAAT 541  
Db 1512 -----ATNATGCTAGCTATGAAATACCAACATCTCCGCAATGCAAAATAGCTACTT 1565  
Qy 542 TTCATTTAATTTTATCAACAAGGCTGGAATGGCTGATGAATGAAATGCAATATAC 601  
Db 1566 GGCCTTAATTTTAAACATGCTGCTACCTATTAACATATATATGCTGCAAAATACAG 1625  
Qy 602 ATCTTTCACAAATGGAACCTATGCTGGAACATGATGATCTATTTAAAG 661  
Db 1626 GT-----ATTAATCCAGTACTTTCAATTCATCTAATTTACTATGAGGCTATTTAAAC 1679  
Qy 662 AAAATATCTTAATATATGTAATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACTTAATAAC 721  
Db 1680 GTAAATATCAAGAAATATCTACTATTTATACAAACGTAACATGACGATTAAGTA 1739  
Qy 722 TTCAAGAACGAACTTATGAGAGGATATTTTAAAGATTTATGCAAGATATATGACTA 781  
Db 1740 TTAAAGCTAATATCAACGAAATGAGAAATATGTAATAACTTACGTTTAAAGAAATGAC 1799  
Qy 782 TTACTGTATATGATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGATT 841  
Db 1800 TAACTGTATATGATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGATT 1851  
Qy 842 CAATATGAAAGATATGCTGCTTAAACTGAACTTACAAAGAAATTTTATCAACTGAA 901  
Db 1852 -----TCCATATAGAGATTAATATCTGAACTTATACAGAAAGTTATATGATGTTA 1901

Qy 902 TAAATTTGACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATTA 961  
Db 1902 -----ATTCAGATTAATTTAGAACCATTAACAGAACTAGAAA 1937  
Qy 962 ATTTAACAAGTTCAGGGCTTATGATTTATTTTCAATTTTATGATGAACCTATATTTATACA 1021  
Db 1938 ATGATTTAATCAAGAAATCTTACATTTATTTACTGTGAATTAACCAAGGGCGTTTATACAAA 1997  
Qy 1022 AAATGAAACGTATAGGGAATCGTTAGTGTATTTGGGAATCGTATATGATCTACTATG 1081  
Db 1998 GAAATTTCTGAGACATCTTGATCTTATGATATTTTCTTTTACAGTAAACAGATGG 2057  
Qy 1082 CTACAGACAGAACTGAATATATATATGAGAAAGAAAGAGGTCACCAACAACAAACTT 1141  
Db 2058 CCTTACACATCTAATATGATGATGCAACATATCTGGAGCGGTTATGGAATATTA 2117  
Qy 1142 TAAATCAATTTGAAATCTTAAAGTTTCAATTTGTAATGATGACAAAGTAACTCTACTT 1201  
Db 2118 TTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAACAAACTATGATTAAGTGG 2177  
Qy 1202 CCCCTTTCCATACATATATCTTACATTAATCAAAATTTGAACCTTATTTAATTAATCAC 1261  
Db 2178 AAATGTCAGACATAGAGATCTCAGATTAATATATATGAAATGATATTTTTCGAATA 2237  
Qy 1262 CTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAAACAAC 1321  
Db 2238 GCACTGAAATTTTTCGATATTTCAATTCACAAATGAAATATTTATTAAGAACTG 2297  
Qy 1322 ATTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTACCA 1381  
Db 2298 ATTCCTATATGATTTCAAAACCAACATGAAATATGAAATATGTCATCTATGCT 2357  
Qy 1382 GCTATATATGATATGATCTATTTTATCCAGTTTCTTTATTAATATTCCTATAAA 1441  
Db 2358 ATATTAATACTGATTAATTAATTTTTC----- 2385  
Qy 1442 TTGATTAGCGCTAATATATATATATATACAGGTGATTAAGATGACACAGTAGTGTAA 1501  
Db 2386 -----AGTAGTTAGGAAAGAAAGAGGTTGATTTAGTGGACACATCTAGTGTG 2438  
Qy 1502 ATGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAATTAACATGATCCAGCAATCAAGGTAA 1561  
Db 2439 ATTTCCAAATATACATATGATTTAGATTAACATCAACCAATCCAGCTTAATAA 2498  
Qy 1562 GTCTTGATCAAACTCTAAGGATTTGAAGCACTGCTATACAGAGAAATTTGGTTT 1621  
Db 2499 AGGTAAAGTTCTAATTTCAAAATTTGTAAGGCTCGGTCAACAAGTGAACCTGGTAA 2558  
Qy 1622 ATTTACAAAGTCAAGGGGCTTTAGAGATTAACATGTAACCTTAATCTTACACATCTT 1681  
Db 2559 TTCTTAAGATATGATGATTTTGAAGTTTATTAATAAATGTTTCTACAAA---T 2615  
Qy 1682 ATTTACATTAAGCTTGAATGACCTAACAATGCTGGAATATCTTCTAATATATCTC 1741  
Db 2616 ATCAAGATAGTATTTGTTAGTCTATGCTATGCTCAAGAAACAAGT--ATTCTTAACGG 2673  
Qy 1742 TTCAATATCCAGGATTAATGAAATACCACTCAACGATCAACAACAATTTCTGTGTA 1801  
Db 2674 AATGATATCTAATTAAGTCTGAGCTCCCTAGTACCACTTCCGCCAAAC-----C 2723  
Qy 1802 CAATTTAATTAATTTCAATAGGAGATTTTGGGTATTTCCATTTCCAGTACAGT-- 1859  
Db 2724 CAATATGCTACGATTTAATATATGATGATTTTGAATATGTAACATTTTCAAGAAACGTTT 2783  
Qy 1860 --AACTTACCTTTAAATTCGAACATACCATTTTA-----TTAATGCTGACAGT 1909  
Db 2784 CAATTAATAACATTTGAAGAGAAACACTTTATTAATGACCTTTATATATGATGACAA 2843  
Qy 1910 TATCAATTTCAATTTTATATCTGATTAATATGAAATTTATACCAATTTCTCTGTAC 1969  
Db 2844 ATCAATTAATTAATATATATATATGACAAATTTGAAATTTATTCATCACTCAATCTGAT 2903  
Qy 1970 GCCAAATATAGAAACAAATAATTAAGAACTATTCAAACAAATAATTAATCATTTTCA 2029











GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 13:16:35 ; Search time 1666.55 Seconds  
(without alignments)  
10345.703 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085  
Sequence: 1 atgtctcaagggaatacaca.....caactatgatctatgtaa 2085

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gap 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 9793542 seqs, 413468905 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 19587084

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Listing first 45 summaries

Database :

Published Applications NA Main:\*

- 1: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US07\_PUBCOMB.seq:\*
- 2: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US08\_PUBCOMB.seq:\*
- 3: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US09A\_PUBCOMB.seq:\*
- 4: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US09B\_PUBCOMB.seq:\*
- 5: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10A\_PUBCOMB.seq:\*
- 6: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10B\_PUBCOMB.seq:\*
- 7: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10C\_PUBCOMB.seq:\*
- 8: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10D\_PUBCOMB.seq:\*
- 9: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10E\_PUBCOMB.seq:\*
- 10: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US11\_PUBCOMB.seq:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2085	100.0	2085	US-10-782-570-3	Sequence 3, Appl1
2	2085	100.0	2235	US-10-782-570-1	Sequence 1, Appl1
3	1794.4	86.1	2208	US-10-783-417-1	Sequence 1, Appl1
4	161.2	7.7	4896	US-09-756-526A-3	Sequence 3, Appl1
5	161.2	7.7	4896	US-10-345-020-3	Sequence 3, Appl1
6	161.2	7.7	4896	US-10-342-821-3	Sequence 3, Appl1
7	117	5.6	15548	US-10-311-455-2128	Sequence 2128, Ap
8	100.6	4.8	3684	US-10-929-754-2	Sequence 2, Appl1
9	99.2	4.8	3673778	US-10-312-841-1	Sequence 1, Appl1
10	93.6	4.5	8056	US-10-473-126-386	Sequence 240, App
11	86.8	4.2	8056	US-10-473-126-340	Sequence 386, App
12	83.2	4.0	8056	US-10-473-126-386	Sequence 386, App
13	79.6	3.8	3522	US-09-826-660-5	Sequence 5, Appl1
14	79.6	3.8	3522	US-09-837-961-7	Sequence 7, Appl1
15	79.6	3.8	3522	US-10-825-751-7	Sequence 2, Appl1
16	77.8	3.7	3504	US-10-089-678-2	Sequence 3, Appl1
17	77.8	3.7	3504	US-10-089-678-3	Sequence 3, Appl1
18	77.2	3.7	1959	US-10-614-076-13	Sequence 13, Appl1
19	77.2	3.7	18154	US-10-311-455-227	Sequence 227, App
20	76.4	3.7	8056	US-10-473-126-240	Sequence 240, App
21	75.6	3.6	1482	US-10-614-076-69	Sequence 69, Appl
22	75.6	3.6	1956	US-10-614-076-51	Sequence 51, Appl
23	75.6	3.6	1956	US-10-614-076-55	Sequence 55, Appl

24	75.6	3.6	1956	US-10-614-076-57	Sequence 57, Appl
25	75.6	3.6	1959	US-10-232-665-1	Sequence 1, Appl1
26	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-1	Sequence 1, Appl1
27	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-15	Sequence 15, Appl
28	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-17	Sequence 17, Appl
29	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-19	Sequence 19, Appl
30	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-23	Sequence 23, Appl
31	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-25	Sequence 25, Appl
32	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-31	Sequence 31, Appl
33	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-31	Sequence 31, Appl
34	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-33	Sequence 33, Appl
35	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-35	Sequence 35, Appl
36	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-37	Sequence 37, Appl
37	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-41	Sequence 41, Appl
38	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-43	Sequence 43, Appl
39	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-45	Sequence 45, Appl
40	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-59	Sequence 59, Appl
41	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-65	Sequence 65, Appl
42	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-67	Sequence 67, Appl
43	75.6	3.6	1959	US-10-614-076-97	Sequence 97, Appl
44	75.6	3.6	2280	US-10-614-076-102	Sequence 102, App
45	75	3.6	5930	US-10-311-455-490	Sequence 490, App

#### ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-10-782-570-3
; Sequence 3, Application US/10782570
; Publication No. US20040210965A1
GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Carozzi, Nadine
; APPLICANT: Hargies, Tracy
; APPLICANT: Koziel, Michael G.
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.
; APPLICANT: Cart, Brian
TITLE OR INVENTION: AXM1-007, A Delta-Endotoxin Gene and
FILE REFERENCE: 045600/274144
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/782,570
CURRENT FILING DATE: 2004-02-19
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,812
PRIOR FILING DATE: 2003-02-20
NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 3
LENGTH: 2085
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2085)
US-10-782-570-3
Query Match 100.0%; Score 2085; DB 8; Length 2085;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGTCTCAAGGGAATACACATATGTGATTAATTCAGACATTGCTAGTGCATACA 60
Db 1 ATGTCTCAAGGGAATACACATATGTGATTAATTCAGACATTGCTAGTGCATACA 60
QY 61 ATGTCTCAAGTGTAGTGAAGTACTATTGTATCCGTACTCTGTTAGCCGGTAAAGTGGG 120
Db 61 ATGTCTCAAGTGTAGTGAAGTACTATTGTATCCGTACTCTGTTAGCCGGTAAAGTGGG 120
QY 121 CTGACTCTTATATCCGACCGATGATGATATGAGTGTCTTAATATATCTTTGGTACC 180
Db 121 CTGACTCTTATATCCGACCGATGATGATATGAGTGTCTTAATATATCTTTGGTACC 180
QY 181 CTATATCATGTCTTTTGGCCCGCGGAGAACAGACAAAAGATATGACATTTATT 240
Db 181 CTATATCATGTCTTTTGGCCCGCGGAGAACAGACAAAAGATATGACATTTATT 240
```

Dh 181 CTATCATCTGCTTTGGCCCGGAGAACAGACAAACAGTATGACAACTTATTT 240  
Qy 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATATAAAGCTTAAGTTA 300  
Dh 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATATAAAGCTTAAGTTA 300  
Qy 301 CAATCTTAAAGAGATTAGACAAATATTAACAAGCTATATAACAGATTAAGATTTGG 360  
Dh 301 CAATCTTAAAGAGATTAGACAAATATTAACAAGCTATATAACAGATTAAGATTTGG 360  
Qy 361 AGAAATTTAAAGAGATTAAGACAGCTCCGATTAACACATACATAGATTAACAAGCT 420  
Dh 361 AGAAATTTAAAGAGATTAAGACAGCTCCGATTAACACATACATAGATTAACAAGCT 420  
Qy 421 GCGTTGACTCTTAAATACGATTTGAGAAATGTTACATAGATTTTATTCGAGAAATACCT 480  
Dh 421 GCGTTGACTCTTAAATACGATTTGAGAAATGTTACATAGATTTTATTCGAGAAATACCT 480  
Qy 481 GGTTCACACTGGAACCTTATTAAGCGTATTAACCTATTTATTCGAGAAAGCTGCTAAT 540  
Dh 481 GGTTCACACTGGAACCTTATTAAGCGTATTAACCTATTTATTCGAGAAAGCTGCTAAT 540  
Qy 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGCTGATGAATGGAATGACATATA 600  
Dh 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGCTGATGAATGGAATGACATATA 600  
Qy 601 CATCTTCACAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAATGATCTATTAATTAATTTAAA 660  
Dh 601 CATCTTCACAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAATGATCTATTAATTAATTTAAA 660  
Qy 661 GAAATATTTACCTAAATTTAGTAACTATTTGTCGAATTAATTAAGAGAGAGCTTAATTA 720  
Dh 661 GAAATATTTACCTAAATTTAGTAACTATTTGTCGAATTAATTAAGAGAGAGCTTAATTA 720  
Qy 721 CTTCGAAAGCAAGCTTAATTAAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780  
Dh 721 CTTCGAAAGCAAGCTTAATTAAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780  
Qy 781 ATTAATCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840  
Dh 781 ATTAATCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840  
Qy 841 TCAATAGAGAAATTTGCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900  
Dh 841 TCAATAGAGAAATTTGCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900  
Qy 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTT 960  
Dh 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTT 960  
Qy 961 AATTTAAACAGGTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTAAAGTAACTTATTTATTAACA 1020  
Dh 961 AATTTAAACAGGTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTAAAGTAACTTATTTATTAACA 1020  
Qy 1021 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTAACTGTAATTCGAATCTGAATTAATTAATTAAT 1080  
Dh 1021 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTAACTGTAATTCGAATCTGAATTAATTAATTAAT 1080  
Qy 1081 GCTACGACAGGAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1140  
Dh 1081 GCTACGACAGGAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1140  
Qy 1141 TTAATACATTTGAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1200  
Dh 1141 TTAATACATTTGAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1200  
Qy 1201 TCCCTTTTCTTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1260  
Dh 1201 TCCCTTTTCTTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1260  
Qy 1261 CTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1320  
Dh 1261 CTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1320

Qy 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380  
Dh 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380  
Qy 1381 AGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440  
Dh 1381 AGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440  
Qy 1441 ATTGATTTGCGCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1500  
Dh 1441 ATTGATTTGCGCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1500  
Qy 1501 AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560  
Dh 1501 AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560  
Qy 1561 AGTCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620  
Dh 1561 AGTCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620  
Qy 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGCTTTAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1680  
Dh 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGCTTTAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1680  
Qy 1681 TATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740  
Dh 1681 TATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740  
Qy 1741 CTTCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1800  
Dh 1741 CTTCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1800  
Qy 1801 ACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860  
Dh 1801 ACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860  
Qy 1861 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1920  
Dh 1861 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1920  
Qy 1921 ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980  
Dh 1921 ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980  
Qy 1981 GAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040  
Dh 1981 GAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040  
Qy 2041 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTAACTGTAATTCGAATCTGAATTAATTAATTAAT 2085  
Dh 2041 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTAACTGTAATTCGAATCTGAATTAATTAATTAAT 2085

RESULT 2  
US-10-782-570-1  
; Sequence 1, Application US/10782570  
; Publication No. US20040210965A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Carozzi, Nadine  
; APPLICANT: Harjies, Tracy  
; APPLICANT: Koziel, Michael G.  
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.  
; APPLICANT: Carr, Brian  
; TITLE OF INVENTION: AXM1-007, A Delta-Endotoxin Gene and  
; TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use  
; FILE REFERENCE: 045600/274144  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/782,570  
; PRIOR FILING DATE: 2004-02-19  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,812  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 17  
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

SEQ ID NO 1  
 LENGTH: 2235  
 TYPE: DNA  
 ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
 FEATURE:  
 NAME/KEY: CDS  
 LOCATION: (1)...(2235)  
 US-10-782-570-1

Query Match 100.0%; Score 2085; DB 8; Length 2235;  
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;  
 Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

1 ATGTGCAAGGAAATACCAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATCA 60  
 151 ATGTGCAAGGAAATACCAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATCA 210  
 61 ATGTGCAAGTATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATG 120  
 211 ATGTGCAAGTATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATG 270  
 121 CTGACTTATATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATTAATTCGACATTTG 180  
 271 CTGACTTATATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATTAATTCGACATTTG 330  
 181 CTGACTTATATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATTAATTCGACATTTG 240  
 331 CTGACTTATATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATTAATTCGACATTTG 390  
 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAAGAACATTAACAGCTAA 300  
 391 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAAGAACATTAACAGCTAA 450  
 301 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAAGAACATTAACAGCTAA 360  
 451 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAAGAACATTAACAGCTAA 510  
 361 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAAGAACATTAACAGCTAA 420  
 511 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAAGAACATTAACAGCTAA 570  
 421 GCTTGAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATG 480  
 571 GCTTGAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATG 630  
 481 GCTTGAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATG 540  
 631 GCTTGAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATG 690  
 541 TTTGATTTAAATTTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATG 600  
 691 TTTGATTTAAATTTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATG 750  
 601 CATCTTCACAAATTTGAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGG 660  
 751 CATCTTCACAAATTTGAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGG 810  
 661 GAAATATATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATG 720  
 811 GAAATATATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATG 870  
 721 CTGCGAAACGAAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGT 780  
 871 CTGCGAAACGAAATCTTAAATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGT 930  
 781 ATTACTGTATATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 840  
 931 ATTACTGTATATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 990  
 841 TCAATGGAAGAAATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 900  
 991 TCAATGGAAGAAATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 1050

901 ATAAATTTGACCGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 960  
 1051 ATAAATTTGACCGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1110  
 961 AATTTAAACAGGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1020  
 1111 AATTTAAACAGGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1170  
 1021 AATTTAAACAGGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1080  
 1171 AATTTAAACAGGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1230  
 1081 GCTACGACGAACTGAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1140  
 1231 GCTACGACGAACTGAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1290  
 1141 TTAATACATTTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA 1200  
 1291 TTAATACATTTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA 1350  
 1201 TCCCTTTTCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA 1260  
 1351 TCCCTTTTCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA 1410  
 1261 CCTAGTAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA 1320  
 1411 CCTAGTAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA 1470  
 1321 GATTTTCAATTTCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1380  
 1471 GATTTTCAATTTCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1530  
 1381 AGCTATATATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 1440  
 1531 AGCTATATATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 1590  
 1441 ATGGATTTAGGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1500  
 1591 ATGGATTTAGGCTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1650  
 1501 AATGAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1560  
 1651 AATGAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1710  
 1561 AGCTTATATATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 1620  
 1711 AGCTTATATATGATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGAT 1770  
 1621 TATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1680  
 1771 TATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1830  
 1681 TATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1740  
 1831 TATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1890  
 1741 CTTCATATACGAGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATGATGAT 1800  
 1891 CTTCATATACGAGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATGATGAT 1950  
 1801 ACAAATTTATATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATG 1860  
 1951 ACAAATTTATATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATG 2010  
 1861 ACATTAATTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1920  
 2011 ACATTAATTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 2070  
 1921 AATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1980  
 2071 AATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 2130  
 1981 GAAATATATATGATGATTAATTCGACATTTGGCTAGTATGATGATGAT 2040

Db 2131 GAAAAAATAAGAACTATCCAAACAAATAATCATTTTTCACAAATCATACA 2190  
QY 2041 AAAAAATCTTTAAATATAGAAAGCCAAACATATATATTTGATTA 2085  
Db 2191 AAAAAATCTTTAAATATAGAAAGCCAAACATATATATTTGATTA 2235  
RESULT 3  
US-10-783-417-1  
; Sequence 1, Application US/10783417  
; Publication No. US20040216186A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Carozzi, Nadine  
; APPLICANT: Harjules, Tracy  
; APPLICANT: Koziel, Michael G.  
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.  
; APPLICANT: Carr, Brian  
; TITLE OF INVENTION: AXMI-006, A Delta-Endotoxin Gene and  
; TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use  
; FILE REFERENCE: 045600/274146  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/783,417  
; CURRENT FILING DATE: 2004-02-20  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,806  
; PRIOR FILING DATE: 2003-02-20  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 15  
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
; SEQ ID NO 1  
; LENGTH: 2208  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: CDS  
; LOCATION: (1)...(2208)  
US-10-783-417-1  
Query Match 86.1%; Score 1794.4; DB 8; Length 2208;  
Best Local Similarity 92.7%; Pred. No. 0;  
Matches 1908; Conservative 0; Mismatches 141; Indels 9; Gaps 2;  
QY 1 ATGTGTCAGAGGAATACATATATGATTAATTTGAGACATTTGCTAGTGCATACA 60  
Db 154 ATGTGTCAGAGGAATACATATATGATTAATTTGAGACATTTGCTAGTGCATACA 213  
QY 61 ATTGCTGCACTTATGTCAGGTAATATGATTCGGTACTGCTGTTAGCCGGTATAGTGG 120  
Db 214 ATTGCTGCACTTATGTCAGGTAATATGATTCGGTACTGCTGTTAGCCGGTATAGTGG 273  
QY 121 CTCACCTCTATATCCGACCGATATGGAATATAGTGTCTATATATATCTTTTGGTACC 180  
Db 274 CTCACCTCTATATCCGACCGATATGGAATATAGTGTCTATATATATCTTTTGGTACC 333  
QY 181 CTATATCACTGTCTTTTGGCCGGGGGAGAACAAAGCAAAACAGATATGACAAATTAAT 240  
Db 334 CTATATCACTGTCTTTTGGCCGGGGGAGAACAAAGCAAAACAGATATGACAAATTAAT 393  
QY 241 AAAATGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTTACAGAAACATATAAAGCTAAAGTTA 300  
Db 394 AAAATGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTTACAGAAACATATAAAGCTAAAGTTA 453  
QY 301 CAAACTTAAAGATTTAGCAAAATTTTACAAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTGG 360  
Db 454 CAAACTTAAAGATTTAGCAAAATTTTACAAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTGG 513  
QY 361 AGAAATTTAAAGACTACAAAGCTCTGATTTACACATCATCAGATTTACAAAGCT 420  
Db 514 AGAAATTTAAAGACTACAAAGCTCTGATTTACACATCATCAGATTTACAAAGCT 573  
QY 421 GCCTTGACTTTAAATATGATTTAGAAATGTTACATATATTTATTTGAGAAATACCT 480  
Db 574 GCCTTGACTTTAAATATGATTTAGAAATGTTACATATATTTATTTGAGAAATACCT 633  
QY 481 GGTTCACACTTGAATCTTATATAAGCTATTAATCTATCTTATTTATGCGCAAGCTGAAT 540

Db 634 GGTTCACACTTGAATCTTATATAAGCTATTAATCTATCTATTTATGCGCAAGCTGAAT 693  
QY 541 TTTCAATTAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGGCTGATGAATGAGATATTA 600  
Db 694 TTTCAATTAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGGCTGATGAATGAGATATTA 753  
QY 601 CATCTTCACAATTTAGACTAATGCTGAGAACATCATGATGATCTATTAATACTTTTAA 660  
Db 754 CATCTTCACAATTTAGACTAATGCTGAGAACATCATGATGATCTATTAATACTTTTAA 813  
QY 661 GAAATATATCTTAATATATGTAATCTTATTTGCAATATCTTATGAGAGGATTAATA 720  
Db 814 GAAATATATCTTAATATATGTAATCTTATTTGCAATATCTTATGAGAGGATTAATA 873  
QY 721 CTGGAAGCAACCTATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGAGATTAATGAGCT 780  
Db 874 CTGGAAGCAACCAATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGAGATTAATGAGCT 933  
QY 781 ATTACTGATTTAGATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATTAATAAGATTAACAAGAT 840  
Db 934 ATTACTGATTTAGATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATTAATAAGATTAACAAGAT 993  
QY 841 TCAATGGAAGATTAAG-----GTGCAATTAACCTGAACCTTAACAAGAAATTTTACA 894  
Db 994 TCAATGGAAGATTAAGATTAAGAAAGGCAATTAAGAACTCAACAAGAAATTTTACA 1053  
QY 895 ACTGAATTAATTTTACCGTCTTACTTACCTTGAATTAACCAACCAATCGCTAATATG 954  
Db 1054 ACTGAATTAATTTTACCGTCTTACTTACCTTGAATTAACCAACCAATCTAGCTAATATG 1113  
QY 955 GAATATATTTAAACAGTTCAGGCTTATATTTTCAATTTTATGATTAATTAATTT 1014  
Db 1114 GAATATATTTAAACAGTTCAGGCTTATATTTTCAATTTTATGATTAATTAATTTT 1173  
QY 1015 TATACAAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTTATGTTGATTTGCGAATGTAATGATCT 1074  
Db 1174 TATACAAAAATGAAACGTAATTCGGAATCGTTTATGTTGATTTGCGAATGTAATGATCT 1233  
QY 1075 ACTTATGCTACGACAGAACTGAAATTAATATATGAGAAAGAACAGTCCACCAACA 1134  
Db 1234 ACTTATGCTACGACGTAATTAATTAATGAGAAAGAACAGTCCACCAACA 1293  
QY 1135 AAAACTTATATACATTTGATTCCTATTAAGTTCAATTTGATTAATGATTAATGATTA 1194  
Db 1294 AAAACTTATATACATTTGATTCCTATTAAGTTCAATTTGATTAATGATTAATGATTA 1353  
QY 1195 CCTACTTCCCTTTTCTTAACATATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAAT 1254  
Db 1354 CCTACTTCCCTTTTCTTAACATATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAAT 1410  
QY 1255 AATTGACCTATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1314  
Db 1411 GGTCTATCTTAACACACCTCAATATTAACGAGAGGCTTTTATCTATTAATTAATTA 1470  
QY 1315 ACAATGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGAAAGCTGTAACCAATTAATTAATTAATTA 1374  
Db 1471 ACAATGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGAAAGCTGTAACCAATTAATTAATTAATTA 1530  
QY 1375 TTAACAAGCTATATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCC 1434  
Db 1531 TTAACAAGCTATATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCC 1590  
QY 1435 TATTAATGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1494  
Db 1591 TATTAATGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1650  
QY 1495 AGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1554  
Db 1651 AGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1710  
QY 1555 GGTAAAGCTTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1614

```

Db 1711 GGTAAACATCTTGATACAACTGTAAGTAATGAGAGCCTGGTATACAGAGAAAC 1770
Qy 1615 TTGGTTATTTTAAACAAGCGCGCTTAAAGATTAATGAGAACTCCCTTAATTCACA 1674
Db 1771 TTGGTTATTTTAAACAAGCGCGCTTAAAGATTAATGAGAACTCCCTTAATTCACA 1830
Qy 1675 CAATCTTTATCATTTAGACTTCGATATGCTACAAATGCTGGAATCTCTTCAT 1734
Db 1631 CAATCTTTATCATTTAGACTTCGATATGCTACAAATGCTGGAATCTCTTCAT 1890
Qy 1735 ATATCTCTTACAAATACCGAGAGTAATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAACCTTTT 1794
Db 1891 ATATCTCTTACAAATACCGAGAGTAATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAACCTTTT 1950
Qy 1795 TCTGGTAAATTTAAATTAATTTTCAATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAT 1854
Db 1951 TCTGGTAAATTTAAATTAATTTTCAATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAT 2010
Qy 1855 ACAGTAACATTAACCTTTAAATCGAAACATACATTTATTTAAATCGTCAAGATGATCA 1914
Db 2011 ACAGTAACATTAACCTTTAAATCGAAACATACATTTATTTAAATCGTCAAGATGATCA 2070
Qy 1915 AATTCATTTTAAATTAATTAATTTGAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1974
Db 2071 AATTCATTTTAAATTAATTAATTTGAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2130
Qy 1975 AATTCATTTTAAATTAATTAATTTGAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2034
Db 2131 AATTCATTTTAAATTAATTAATTTGAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2190
Qy 2035 CATACAAAATAATCTTTA 2052
Db 2191 CATACAAAATACTTTGA 2208

```

RESULT 4

```

US-09-756-526A-3
; Sequence 3, Application US/09756526A
; Patent No. US20020038005A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Jana, Wojciechowska
; APPLICANT: Evgeny, Lewitin
; APPLICANT: Ludmila, Revina
; APPLICANT: Igor, Zalunin
; APPLICANT: Galina, Chesukhina
; TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
; FILE REFERENCE: S-30913A
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/756,526A
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-08
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 4896
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: source
; LOCATION: (1)..(4896)
; OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis subsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)
; OTHER INFORMATION: :29337
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1129)..(4458)
; OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
; PUBLICATION INFORMATION:
; AUTHORS: Wojciechowska, et al.
; TITLE: thuringiensis esp. finitimus
; JOURNAL: FEBS Lett.
; VOLUME: 453
; ISSUE: 12
; PAGES: 46-48

```

```

; DATE: 1999-06-18
; DATABASE ENTRY DATE: -----
US-09-756-526A-3

```

```

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 3; Length 4896;
Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 3,36-19;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

```

Qy 153 AGGTGCTATATATATATCTTTGGTACCTTAATCATCTCTTTGGCCCGGGAGAGACA 212
Db 1293 AGGTGCTATATATATATCTTTGGTACCTTAATCATCTCTTTGGCCCGGGAGAGACA 1352
Qy 213 AGA---CAAAACAGTATGAGACAAATTTTAAATGAGAAATTTTGGTATGATACACC 269
Db 1353 AGATCCAAAATAATTTGGTCAATTTTAAATGAGAAACAGGAGAGACCTTTTAAATCAAC 1412
Qy 270 GTTAAACAAAAGCAATTAACAGCTTAAAGTTACAACTTTGAGAGATTTAGACAAATATT 329
Db 1413 AATTTCTACAGCTTAAAGAAATAGACATTAGCTCATCTAAATGTTTAAAGATGATATT 1472
Qy 330 ACAAGCTATATACAGCATTTAGATGATGAGAAATTTAAATGAGATCAAGCTCTGG 389
Db 1473 AACGTACTATGAAAGACATTTATGATGAGAGAAATCCAAATGCGAATTAATCTGCAAG 1532
Qy 390 ATTACCAACATCATCAGATTTACAAAGAGCTGCTGACTTAAATTAAGATTTAGAGAA 449
Db 1533 ATTGCTATCAGAG-----GATTTGAAA 1556
Qy 450 TGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTAAATGAGCT 509
Db 1557 CGCTCATTTGAATTTTGAAGCAATATGCGACAACTCAACTTCCAGATGACATTT 1616
Qy 510 ATTACTACTATTTATGCGCAGCTGTAATTTTCAATTTTAAATTTTATTAACAAGGTGC 569
Db 1617 ATTATTAAGTTCTATCAGAGAGCTGCAAAATTTTCAATTTTAAATTTTATTAACAAGGTGT 1676
Qy 570 TGAATGGCTGATGAAGGATGAGATATATCATCTTCAAAATTAAGTAATGCTAG 629
Db 1677 ACAATGGCGATCAAGGATGAGATGAGATCAACATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 630 AACATGATGATCTATTTAACTTTTAAAGAAATATACCTTAATTAATTAATTAATTAAT 689
Db 1728 GTATCAGGATCTATTTATATGAGAGCTATGATATATTAAGAAATATTAATTAATTAAT 1787
Qy 690 TGCATAATCTATGAGAGAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 749
Db 1788 CACCAAGACATACCAATTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1847
Qy 750 TATATTAATGATTAATGAGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 809
Db 1848 TGTATTAATGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1907
Qy 810 TTTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 5

```

US-10-345-020-3
; Sequence 3, Application US/10345020
; Publication No. US20030150018A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Jana, Wojciechowska
; APPLICANT: Evgeny, Lewitin
; APPLICANT: Ludmila, Revina
; APPLICANT: Igor, Zalunin
; APPLICANT: Galina, Chesukhina
; TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
; FILE REFERENCE: S-30913B
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/345,020
; PRIOR FILING DATE: 2003-01-15
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158
; PRIOR FILING DATE: 2000-01-07

```



```

NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
SOFTWARE: Patentin version 3.0
SEQ ID NO 3
LENGTH: 4896
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURE:
NAME/KEY: source
LOCATION: (1)..(4896)
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)
OTHER INFORMATION: 29337
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1129)..(4458)
OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Wojciechowska, et al.
TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
TITLE: thuringiensis spp. finitimus
JOURNAL: FEBS Lett.
VOLUME: 453
ISSUE: 12
PAGES: 46-48
DATE: 1999-06-18
US-10-345-020-3

```

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 3.3e-19; Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

153 AGGTCCTAATAATATCTTTGGTACCCCTATACCTCTTTGGCCCGGAGACA 212
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1293 AGGTGCTACTTATATCATTTGAACTCGCTCCGCTCTTGGCTGATCCAGAGA 1352

213 AGA---CAAAACAGTATGACACATTTATTAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 269
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTGGTCACATTTATGAAAACAGGAGACCTTTAAATCAAAC 1412

270 GTTAACGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGGATTTAGACAAATAT 329
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1413 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTAGCTCATCTAAATGTTTAAAGATGAT 1472

330 ACAAGCTATATACACATTTAGATGATGAGAAATTTAAAAAGACTACAGCTCTCG 389
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1473 AAGCTATTAAGAAAGACATTTATGATGGAAGAAATCCAAATACATGTCAG 1532

390 ATTACCACTATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTAAATAGATTTGAGAA 449
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1533 ATTGCTATCACAGA-----GATTTGAAA 1556

450 TGTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTATTAACGCT 509
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1557 CGCTCAATTCATTTTGAAGCATATGCGCAACATCCAACTTCCACGATGACAT 1616

510 ATTAATCTACATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAAGTGC 569
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1617 ATTAATTAAGTTGCTATACAGAACTGCAAAATTTACATTTGAATTTATTAACATCAAGGTG 1676

570 TGAATTTGGCTGATGATGAGATGAGATATACCTCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGG 629
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1677 ACAATTTGGCGATCAATGAGATGAGATCAACCATTCACCAAT-----GTTGAA 1727

630 AACATCAGATGATCTATTATAACTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTATTG 689
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1728 GTATCATGAGTACTATTATATGACAGCTATGTTATATGAAAGATATATATATTG 1787

690 TGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATTAACCTTGAAAGCAACCTTAATAGATGAG 749
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1788 CACCAACATACCATTAAGAGATTAACCTTAAAGAAATCAAGAAAAATCATGAGGA 1847

750 TATATTAATGATATGAGAGATATATGATATGATCTGATATGATCTATCTGCTCAAT 809
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATGATGATGATCTTGTGCACTTT 1907

```

```

QY 810 TTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 6

```

US-10-342-821-3
Sequence 3, Application US/10342821
Publication No. US20030154510A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Jana, Wojciechowska
APPLICANT: Evgeny, Lewitin
APPLICANT: Ludmila, Revina
APPLICANT: Igor, Zalumin
APPLICANT: Galina, Chestubhina
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
PUB REFERENCE: S-30913C
CURRENT FILING DATE: 2003-01-15
PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07
PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
SOFTWARE: Patentin version 3.0
SEQ ID NO 3
LENGTH: 4896
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURE:
NAME/KEY: source
LOCATION: (1)..(4896)
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)
OTHER INFORMATION: 29337
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1129)..(4458)
OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Wojciechowska, et al.
TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
TITLE: thuringiensis spp. finitimus
JOURNAL: FEBS Lett.
VOLUME: 453
ISSUE: 12
PAGES: 46-48
DATE: 1999-06-18
US-10-342-821-3

```

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 3.3e-19; Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

153 AGGTCCTAATAATATCTTTGGTACCCCTAATCACTGCTTTTGGCCCGGAGACA 212
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1293 AGGTGCTACTTATATCATTTGAACTCGCTCCGCTCTTGGCTGATCCAGAGA 1352

213 AGA---CAAAACAGTATGACACATTTATTAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 269
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTGGTCACATTTATGAAAACAGGAGACCTTTAAATCAAAC 1412

270 GTTAACGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGGATTTAGACAAATAT 329
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1413 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTAGCTCATTAATGTTTAAAGATGAT 1472

330 ACAAGCTATATACACATTTAGATGATGAGAAATTTAAAAAGACTACAGCTCTCG 389
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1473 AAGCTATTAAGAAAGACATTTATGATGGAAGAAATCCAAATACATGTCAG 1532

390 ATTACCACTATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTAAATAGATTTGAGAA 449
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1533 ATTGCTATCACAGA-----GATTTGAAA 1556

450 TGTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTATTAACGCT 509

```

Db 1557 CGGTCAATTCATTTGTAAGCAATATGCCCAACTCCAACTCCACGATGACATTT 1616  
Qy 510 ATTAATACCTATTATATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGTGC 569  
Db 1617 ATTAATTAAGTTCCTATACAGAGCTGCAAAATTTTCAATTTATTAATCAAGGTGT 1676  
Qy 570 TGAATGGCTGATGAATGGAATGAGATATACCTTACAAATTTGAACCTAATGGCG 629  
Db 1677 ACAATTCGGGATGATGGAATGCAATCAACCAATTCACCAAT-----GTTGAA 1727  
Qy 630 AACATGAGATGATCTATTATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTATTG 689  
Db 1728 GTATCATGAGTACTATTATATGACAGCTATGGTATATATGAAAGTATATTAATTTATG 1787  
Qy 690 TGCATAATCTATTAGAGAGAGACTAAATTAACCTTGAAGCAACCTAATATGAGATGAG 749  
Db 1788 CACCAAGACATACATTAAGAGATTTGAATCACCTTAAGAAATCAGAAAAATCACATGGA 1847  
Qy 750 TATATTTAATGATATGAGAAATATATGACTTACTGTATTAATGATCTATCGCTCAAT 809  
Db 1848 TGCTTAATACACATATGCTGAGAAATGACCTTAATGTATGATCTTGTGCAACTTT 1907  
Qy 810 TTCTTTTATGATATA 825  
Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 7  
US-10-311-455-2128/c  
; Sequence 2128, Application US/10311455  
; Publication No. US20030143606A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: OLEK, Alexander  
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian  
; APPLICANT: BERLIN, Kurt  
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with the Immune System by Detect  
; TITLE OF INVENTION: cytosine methylation  
; FILE REFERENCE: 5013.1014  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/311.455  
; CURRENT FILING DATE: 2002-12-16  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/07537  
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-02  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7  
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2424  
; SEQ ID NO 2128  
; LENGTH: 15548  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Artificial Sequence  
; FEATURE:  
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)  
US-10-311-455-2128

Query Match 5.6%; Score 117; DB 6; Length 15548;  
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 6.2e-11;  
Matches 819; Conservative 0; Mismatches 1040; Indels 18; Gaps 6;

Qy 218 AAACAGATGAGCAATTTTAAATGGAAGAAATTTTGTGATCACCGTTAACAG 277  
Db 13398 ATAAATATATACGATTAATATATATATATATATATATATATATATATATACAGT 13339  
Qy 278 AAACATATAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTACAAAGCT 337  
Db 13338 CTAATAAT 13279  
Qy 338 ATATATACGATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGATCAAGCTCTGATTTACAC 397  
Db 13378 AAAAT 13219  
Qy 398 CATATCAGATTAACAAGAGCTGCTTGAATTTAAATGATTTGAGATGTTTCA 457

Db 13218 TATATCTAAAT 13159  
Qy 458 ATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAGCTTGAAACTTATAAACGATTTATAC 517  
Db 13158 TAAATA 13099  
Qy 518 CTATTTATGGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAACAAGTCTGAATGG 577  
Db 13098 ATA 13042  
Qy 578 CTGATGAGTGAATGAGAT 637  
Db 13041 TACAT 12983  
Qy 638 ATGACTTTTAACTTTTAAAGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATA 697  
Db 12982 ATA 12923  
Qy 698 CTTATGAGAGAGCTAAATTAACCTTGAAGCAACCTAATATGAGATGGATATTTTA 757  
Db 12922 TATATATACGAATA 12863  
Qy 758 ATGATTTACGAAGAT 817  
Db 12862 TATATATATACGAAT 12803  
Qy 818 ATGATTTAAAGATATACAAAGTCAATGAGAGATATGCTGATTTAACTGAACCTTA 877  
Db 12802 ACGAAATA 12743  
Qy 878 CAAGAGAAATTTATACAGCTGAATTAATTTTGCGCTTACTTACTTGAATTTGCAAC 937  
Db 12742 TAT 12684  
Qy 938 CCAATCTCGTATATGAAAT 997  
Db 12683 AAAATA 12624  
Qy 998 TAGATGAGCT-TATATTTTATACAAAAATGAAAGCTGCGAAATCGTTAGTGTGATTT 1056  
Db 12623 TA 12564  
Qy 1057 GCGAATCGTA 1116  
Db 12563 TAAATA 12504  
Qy 1117 ACAAGTCCACCACAAGAAACCTTTA-----ATACATTTGGAATCCTATATAAGTT 1167  
Db 12503 ATA 12444  
Qy 1168 TCAATTTGAACTGATGAGACAGATATCTTACCTTCCCTTTTCTTAACATATACTTTACA 1227  
Db 12443 AT 12384  
Qy 1228 ATTAATCAATTTGAATTTTAT 1287  
Db 12383 AT 12324  
Qy 1288 GGGGGAAATTTATCTAATGAT 1347  
Db 12323 AACATA 12264  
Qy 1348 TGTAAACCAATTTAT 1407  
Db 12263 TA 12204  
Qy 1408 TCCGAGTTTCTTATTTAA---TTATTCGATTAATTTGAGCTTAATATATTTA 1464  
Db 12203 TATATTAACATA 12144  
Qy 1465 TATACAGGTGATGATGAGACAGATATGATGTTTATATATATATATATATATATATATAT 1524



Oy	573	ATTGGCGATGAGTGCAGATGCAGATACATCCCTTCGAATTGAACTCATGTGGAAC	632
Dd	1715126	TATATAAATATATATATATAAATATATATATATATAAATAATATAATATAATA	1715067
Oy	633	ATCAGATGACTATTATTAACCTTTAAAAGAAAAATATACCTAAATATATGTAACTATGTGC	692
Dd	1715066	TAAAAATATATATATATATATATAAATAATATATATATAAATAATATATATATAAATAATATA	1715007
Oy	693	AAATACCATTAGAGAAGGACTAAATATAACTCGAAAGCACTPAATGTGATGAGTAGAT	752
Dd	1715006	AAATATATATATATATATATAAATATATATATATATATAAATAATATAATATAAATAATATA-TAT	1714948
Oy	753	ATTTAATGATTATCGAAGATATATGACTATTACTGATTAGATACATATCGCTCAATTTTC	812
Dd	1714947	ACMAAATATATATATATACMAAATATATATATAAATAATATATATAAATAATATATATAAATA	1714888
Oy	813	TTTTTATGATATATAAGATACACAAGATTCATATAGAGAAATAGTGGCACTTAAAACTGA	872
Dd	1714887	TATATATATATAAATATATATATAAATAATATATATATATATATATATATATATATATATAA	1714828
Oy	873	ACTTACAAGAAATTTATATCAACTGAATTAATTTTGCACCGCTTACTTACCTTGAAAT	932

[illegible]

Db 1714468 TATATAAATATATATATATTAATAATATATATATATAATAATATAT 1714409

[illegible]



Db	1580	ATTAAATTTAAATTAATATTTTTTAAAAAAATTAATTTATTTAAAAAATTTTTTTAAACGAT	1521
Qy	570	TGAATTTGGCTGATGATNGAATGAGATATATCATCTTCACAATTTGAACTTAATGCTGG	629
Db	1520	TTAAATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTTA-ATAATTAATTAATTTAAATTAATTTAT	1462
Qy	630	AACATGAGATGACTATTAATACTTTAAAAAGAAATATACCTTAATATAGTAATTAATG	689
Db	1461	TAAAAAAATTAATTTTATTTTTTTTTTTTAAAAAAAATTAATAAAATTAATAAAAAAAT	1402
Qy	690	TGCAATATACCTATAGAGAAGACTAAATTAACCTTGAAAGAACTAATATGAGATGAG	749
Db	1401	CGATATATTTTATATAAAAAAAATTAATTTTAAATTAATAAAATTAATAATTAAT	1342
Qy	750	TATATTTAATGATTAATCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTAATGATCTATGCTCAAT	809
Db	1341	TTTTATTTAAAAATTAATTAATTTTTTTTAAATTTTAATTTTAAAAAATTTTCGT	1282
Qy	810	TTCTTTTATGATTAAGAAGATCAAAAGATTCAAATGAAAGATATAGTGCAATTAAC	869
Db	1281	TTTTATATTAATTAATTAATTAATCGTAACGTTTTTTTTTATTCGAAAAAATTAATTTTAT	1222
Qy	870	TGAATTCACAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGCTTAATCTTAATCTTGA	929
Db	1221	TAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1162
Qy	930	AATTCAAACCAATCTGCTATTAATGAATATTAATTAACAAGTTCAAGCGCTTAAGTAT	989
Db	1161	TATTAATTTTAAATTTTGAATATCGAAAAAAATTAATTAATAAAGAAATTAATTAACGTTTT	1102
Qy	990	TTCAATTTTATGATGAACTTAATTTTATCAAAAAATGAAACGTACGGAAATCGTTTAT	1049
Db	1101	AAAAAGTTAAAAAAAACGAATTAACGAATTTTTTTTATTTTACGTATTAATTAATTC	1042
Qy	1050	TGATATTTGCGATGATGATGATCTACTTAATGCTACGACGAGAACTGAAATTAAT-ATATG	1108
Db	1041	GAAATTTAAAAATTAATTAATAATTTTTTAAATATTAATTTTTTAAAAAAATTAATTAATTA	982

[illegible]

Dd		681	TATTTTTTTTTTTTAAATAATTATTTAAAAATTTTTTAAAAAATTTTAAAAA	622
Oy		1452	GCTAAATATATATACAGGTGCATAGATGGAACAACAGTAGTGTAATAGAATAA	1511
Dd		621	TTTAAATATATTTTTTTTATTAATATTTATTTAAATATTAATTTTAAABAAAGTT	562
Oy		1512	TGCAATATCAGATMAAATTAATTACAAATGATCCGCAATCAAAGTAAACACTCTGGATAC	1571
Dd		561	TATATAT-ATATATTTAAAATTTTAAATTTTATATATATATTTATTTAATAATATATAT	503
Oy		1572	AAACTCAAGGTAAATGGAAGCACTGGTCATACAGAGGAAGAACTGGTTTTTATACAAG	1631
Dd		502	AAATTTTATTTTTTTTATTTAAATATATTTATTTTAAATTTTATTTTATTTTATTA	443



QY 1632 TCAAGGCGTTTGAAGATTACATGAGACTCTTAATTTACACAATCTTATTAACATTAG 1691  
DB 442 TTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 383  
QY 1692 ACTTCGATAGCTACAAATGCTGCGAATACCTCTTAATTAATCTCTTACAAATCC 1751  
DB 382 TATTTTATTTGTTT 323  
QY 1752 AGGAGTATAGAAATACCACTCAAGACTCAACAACATCTTTCTGGTCAAAATTAATA 1811  
DB 322 ATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 263  
QY 1812 TAA-TTTTACAATACGAGATTTTGGTATTTTCAATTTCCAGTACAGTAACTTACTT 1870  
DB 262 AAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 203  
QY 1871 TAAATCAAAACATCCATTTATATTTATTCGTGAGATGATTCAAATTCATTTTATCA 1930  
DB 202 AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 143  
QY 1931 TTGATTAATTTGAATTTATATTCATTTCTCTCTGACGCAAAATAGAGAAAAACAA 1990  
DB 142 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 83  
QY 1991 AATTGAACTATCCAAACAAATTAATTAATTAATTTTACAAATCAATCAAAAAATTA 2050  
DB 82 AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTTT 23

RESULT 12  
US-10-473-126-386  
; Sequence 386, Application US/10473126  
; Publication No. US20040234973A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Epigenomics AG  
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell  
; FILE REFERENCE:  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473.126  
; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258  
; SEQ ID NO 386  
; LENGTH: 8056  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Artificial Sequence  
; FEATURE:  
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)  
US-10-473-126-386

Query Match 4.0%; Score 83.2; DB 8; Length 8056;  
Best Local Similarity 43.5%; Pred. No. 7.2e-05;  
Matches 789; Conservative 0; Mismatches 993; Indels 24; Gaps 8;

QY 279 AAGCATAAACAGCTAAAGTTTACAACTTGAAGATTAGCAAAATATTAACAAGCTA 338  
DB 327 AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 386  
QY 339 TAATACGCAATTAATGATGAGAGAAATTAATAAGCTACAACTCTGATTAACACC 398  
DB 387 TATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 446  
QY 399 ATCATCAGATTAACAAGCTGCTGACTCTTAATAATGATTTGAGATGTTTCAAA 458  
DB 447 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 506  
QY 459 TGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACCTTAATAAAGCTATTACTACC 518  
DB 507 TATTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 562  
QY 519 TATTTATGCGGAGAGCTGATTTTTCATTTTAATTTATTAACAACAAGTGTGAATGGC 578  
DB 563 ATGTTTATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 622

QY 579 TGATGATGGAATGCAGATATACATCTTCACAAAATGGAACCTAATGCTGGAACATCAGA 638  
DB 623 TTTAAATATTTTAAATAATTAATTTAAATATTAATTTATTAATAAATAAATAAATAAATA 682  
QY 639 TGACTTTTAAATCTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGTAATCTATTGCGAAATAC 698  
DB 683 TAAATTAATAAATAATTTTATTAATTAATAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAAT 742  
QY 699 CTATAGAGAAGCTAATAATTAATCTTGAAACGAACTTAATATGATGAGATTAATTTAA 758  
DB 743 AAATTTTATTAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATA 802  
QY 759 TGAATTCAGAGATATATGACTATTAATCTGATTTAGATCTATCGCTCAATTTCTTTTAA 818  
DB 803 AATTAATTTAATAATGATTAATTTAAATATTTTATTAATAAATAATGTTTTTTTATTTT 862  
QY 819 TGATTAATAAGATACAAAGATTCATAGAGAAATAGGTGGCATTAATACTGAATTCAC 878  
DB 863 TTTTATTAATTAATAAATTTTGTAAATTA-----TTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTGG 917  
QY 879 AAGAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTGAATTCACACC 938  
DB 918 TTGTTTGTGATTAATTTTATTAATAATTAATTTTATTTTATTTATTAATTAATTAATA 977  
QY 939 CAATTCGCTATTAATGGAATTAATTTAAACAGTTTCAGGCTTGAATTAATTTCAATTTT 998  
DB 978 AATTAATTAATTAATTTTAAATAATTAATTTTAAATAATTTTATTAATTTTATTTTAA 1037  
QY 999 AGATGAATTAATTTTATTAACAATAAATAAGAAACGTAACGGAATCGTTAGTGTATTCG 1058  
DB 1038 TTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATAATTTTATTTTATTTTAA 1094  
QY 1059 GAATCGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1118  
DB 1095 ATGTTTAAATTAATTAATTAATTTGTTTAAATTTTATTTTATTTTGAATTTGAAATTTAA 1154  
QY 1119 AGGTCCACCCACAACAAACCTTAATACATTTGAATCCATTAATTTTCAATTTGTAAC 1178  
DB 1155 ATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTTTAAATAATTTTAAATTAATTTAAT 1214  
QY 1179 TGATTAACAAGTATCTCTTACCTCCCTTTTCTTAATCAATATCTTTCAATTAATCAAA 1238  
DB 1215 TTTTAAATTAATTAATTAATTTTGAATTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTA 1274  
QY 1239 TGAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1298  
DB 1275 TATTAATAATTAATTAATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1334  
QY 1299 ATCTAATGATTAATAAATAACAATGATTTTCAATTTCTGTAAATAAAGACTGTAAACCAAT 1358  
DB 1335 AATTAATAATTAATTAATTTTAAATTTTATTAATTAATAAATAATTTTATTTTAAATAAAT 1394  
QY 1359 TATTAATCCAAATTTTTCACAACTATTAATGTTATGTCATATTTTATCCAGTTTTC 1418  
DB 1395 AATATGATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTAT 1454  
QY 1419 TTTATTAATTAATTTCTAATAAATGAGTATGAGCTTAAT--ATATTAATTAATCAGGTGCA 1476  
DB 1455 TTTTAAATTAATAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATA 1514  
QY 1477 TTGAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTA 1536  
DB 1515 ATATTAATAATGTTAAATAAATTTTAAATTAATAATTAATTTTAAATAAATAATTAATTAATA 1574  
QY 1537 ATGATCCAGCAATCAAGGTAAACGTTGATTAACAACCTTAAGGTAAATGAGAGACCT 1596  
DB 1575 TTTAATTAATTTATTAATTTAATTAATTTAATTTAATTTAATAAATAATGAATTAATGAAT 1634  
QY 1597 GGTCAATACGAGGAGAACTGTTTATTTTAAATGCAAGTCAAGGGGCTTAAAGATTAATGAT 1656  
DB 1635 G--TAAATAATTAATAAATAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATAATTT 1692



1657 AGAAGCTTATCTGACCAATCTTATTAACATGACCTGACATGAGTAAAGTGGCT 1716  
 1693 ATAAAAAT 1752  
 1717 GGAATACTCTCTTAATATATATCTCTTAATATATATATATATATATATATATAT 1715  
 1753 ATAAAAAT 1812  
 1776 AGCACTGACCAACCTTTCTGTCGCAAAATTAATATATATATATATATATATATAT 1835  
 1813 AT 1872  
 1836 GTATTCGATATTCGACGATACATGATACCTTTAATGAAACATACCATTAATAT 1895  
 1873 AAT 1932  
 1896 TAATCGTGACATGATACATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1955  
 1933 TTAT 1992  
 1956 TACTTCCTCTGACGCAAAATAGAGAAAACAAATTAAGAACTATCCAAACAAAT 2015  
 1993 TTAATAAT 2048  
 2016 AAT 2075  
 2049 TTTAT 2105

RESULT 13

US-09-826-660-5  
 ; Sequence 5, Application US/09826660  
 ; Patent No. US20010026940A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Cardineau, Guy A.  
 ; APPLICANT: Steilman, Steven J.  
 ; APPLICANT: Natva, Kenneth E.  
 ; TITLE OF INVENTION: Plant-Optimized Genes Encoding Pesticidal Toxins  
 ; FILE REFERENCE: MA-714XCD1  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/826,660  
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-04-05  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/178,252  
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-10-23  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,215  
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-12  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/076,445  
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-03-02  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27  
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0  
 ; SEQ ID NO 5  
 ; LENGTH: 3522  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
 US-09-826-660-5

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 3; Length 3522;  
 Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 0.00024;  
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

436 ATAGCATTTGAGATGTTTCAATGATTTTATGAGAAATACCGTTCACCTTGA 495  
 388 ATTGATTTGCTAATACAGAGAGCGCTTTAATACAGCAATTAATTTTACACTTCA 447  
 496 ACTATATAACGCTATTAATCTATATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTA 555  
 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGGTATATGTTCAAGGGGCAATTTTCACTTACACTA 507  
 556 TTACAACAAGTGTGATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 615  
 508 TTAAGAGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 567  
 616 GAACCTATGCTGAAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 675

568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATCTTATTCATAGA 600  
 676 TATAGTACTATTGTGCAATTAATCTATAGAGAGCACTTAATTAATCTGAAAGAACT 735  
 601 TATAGCAACCTTTGTTGACATACATACAGATTAAGAACTTAAGAGTACTAAT 660  
 736 AATATGAGATGAGAT 795  
 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTTCAATCACTTTATGAGAGATTTAATCACTTACTGATAT 720  
 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833  
 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTTAGAACATA 758

RESULT 14

US-09-837-961-7  
 ; Sequence 7, Application US/09837961  
 ; Publication No. US2004005860A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Payne, Jewel  
 ; APPLICANT: Sick, August  
 ; TITLE OF INVENTION: No. US2004005860A1 *Bacillus thuringiensis* Isolate Active Again:  
 ; FILE REFERENCE: MA-43CDF2D3  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/837,961  
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-04-19  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/521,344  
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-03-09  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/933,891  
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-09-19  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/356,034  
 ; PRIOR FILING DATE: 1994-12-14  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/210,110  
 ; PRIOR FILING DATE: 1994-03-17  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/865,168  
 ; PRIOR FILING DATE: 1992-04-09  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/451,261  
 ; PRIOR FILING DATE: 1989-12-14  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 371,955  
 ; PRIOR FILING DATE: 1989-06-27  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8  
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.0  
 ; SEQ ID NO 7  
 ; LENGTH: 3522  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
 US-09-837-961-7

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 3; Length 3522;  
 Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 0.00024;  
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

436 ATAGCATTTGAGATGTTTCAATGATTTTATGAGAAATACCGTTCACCTTGA 495  
 388 ATTGATTTGCTAATACAGAGAGCGCTTTAATACAGCAATTAATTTTACACTTCA 447  
 496 ACTATATAACGCTATTAATCTATATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTA 555  
 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGGTATATGTTCAAGGGGCAATTTTCACTTACACTA 507  
 556 TTACAACAAGTGTGATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 615  
 508 TTAAGAGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 567  
 616 GAACCTATGCTGAAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 675  
 568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATCTTATTCATAGA 600  
 676 TATAGTACTATTGTGCAATTAATCTATAGAGAGCACTTAATTAATCTGAAAGAACT 735  
 601 TATAGCAACCTTTGTTGACATACATACAGATTAAGAACTTAAGAGTACTAAT 660

QY 736 AATATGATGAGTATATTTATGATTAATGAGAAATATATGACTTACTGTAATGAT 795  
Db 661 ACTCGAATATGGGCAATATCAATCACTTTAGAGATTTAATACATTAAGTATGAT 720  
QY 796 ACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833  
Db 721 ATGCTTCTCTTTTCCGAACTACGATGTTAGAACATA 758

QY 796 ACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833  
Db 721 ATGCTTCTCTTTTCCGAACTACGATGTTAGAACATA 758

Search completed: December 22, 2005, 01:12:54  
Job time : 1678.55 secs

RESULT 15  
US-10-825-751-7  
; Sequence 7, Application US/10825751  
; Publication No. US20040194165A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Payne, Jewel  
; APPLICANT: Sick, August J.  
; TITLE OF INVENTION: Novel *Bacillus thuringiensis* Isolate Active Against Lepidopteran  
; TITLE OF INVENTION: Pests, and Genes Encoding Novel Lepidopteran-Active Toxins  
; FILE REFERENCE: WA-43CDF2D4  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/825,751  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 2004-04-16  
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-19  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/837,961  
; PRIOR FILING DATE: 2000-03-09  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/933,891  
; PRIOR FILING DATE: 1997-09-19  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/356,034  
; PRIOR FILING DATE: 1994-12-14  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/210,110  
; PRIOR FILING DATE: 1994-03-17  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/865,168  
; PRIOR FILING DATE: 1992-04-09  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/451,261  
; PRIOR FILING DATE: 1989-12-14  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 371,955  
; PRIOR FILING DATE: 1989-06-27  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 10  
; SOFTWARE: PatentIn version 3.2  
; SEQ ID NO 7  
; LENGTH: 3522  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
US-10-825-751-7

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 8; Length 3522;  
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 0.00024;  
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 AATGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCAACTTGAA 495  
Db 388 ATTCGATTTGCTATATACAGACGCTTATTAACAGAAATTAATTTTACACTTACA 447  
QY 496 ACTTATAAAGCGTATTAATCACTTATTTAATCCGCAAGCTGTAATTTTCAATTAATTA 555  
Db 448 AGTTTAAATCCCTCTTTTATGCTTATGCTTATGCAAGGCGAAATTTACATTTATCACTA 507  
QY 556 TTACACAAGGTCGATTTGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 615  
Db 508 TTAAAGACGCTGATGCTTTGGGCGAGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTGTTAATTAAT 567  
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGATTAATTAATTTTAAAGAAATTAACCTAAA 675  
Db 568 C-----ATTATATAGATTAATTAATTAATTTATTCATAGA 600  
QY 676 TATATGATTAATTTGTCAAATACCTATAGAGAGAGACTAAATTAACCTCGAAAGAACT 735  
Db 601 TATAGAAACATTTTGGACATACATCAAGATTTAGAAACTTAAGGATTAAT 660  
QY 736 AATATGATGAGATTAATTTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 795  
Db 661 ACTGCAATATGGGCAATTAATCACTTTAGAGATTTAATACATTAAGTATGAT 720

Result	No.	Score	Query Match	Length	DB	ID	Description
C	1	100	4.8	2157	10	CL081966	CL081966 CH216-165
C	2	98.4	4.7	1758	10	CL509408	CL509408 SA1L_811
C	3	95.2	4.6	1981	10	CL080200	CL080200 CH215-165
C	4	90.2	4.3	1392	10	CG57503	CG57503 P052-4-CO
C	5	90	4.3	1339	10	AG340947	AG340947 Mus musculus
C	6	90	4.3	1896	10	CG753083	CG753083 P048-1-CO
C	7	89.4	4.3	1542	10	AG368981	AG368981 Mus musculus
C	8	88.8	4.3	1608	10	CL118721	CL118721 ISB1-72J8
C	9	88.4	4.2	1489	10	AG350139	AG350139 Mus musculus
C	10	87.2	4.2	734	10	CNS010MP	AL099163 Drosophila
C	11	86.8	4.2	1348	10	CG749499	CG749499 P043-4-AO
C	12	86	4.1	1101	10	CNS005VL	AL069706 Drosophila
C	13	85	4.1	1391	10	CG754863	CG754863 P050-2-GO
C	14	84.6	4.1	1242	10	CL068807	CL068807 CH216-115
C	15	84.6	4.1	2270	10	AG279272	AG279272 Mus musculus
C	16	81.4	3.9	994	11	CNS040OJ	AL288972 Tetraodon
C	17	81	3.9	1272	1	AJ927522	AJ927522 AJ927522
C	18	80.6	3.9	1271	10	CG748753	CG748753 P042-4-AO
C	19	79.8	3.8	1038	11	CNS0617M	AL040833 T3 end o5
C	20	79.8	3.8	1101	10	CNS0039G	AL0633921 Drosophila
C	21	79.8	3.8	1238	1	AJ925855	AJ925855 AJ925855
C	22	79.4	3.8	1254	10	AG349719	AG349719 Mus musculus

C	23	79.2	3.8	1928	10	CL073845	CH216-130
C	24	78.8	3.8	1594	10	CL110653	ISB1-53P2
C	25	78.6	3.8	1592	10	CG750135	CG750135 P04-3-D0
C	26	78.2	3.8	1592	10	CG750135	CG750135 P04-4-3-D0
C	27	78.2	3.8	1605	8	DN1712410	DN1712410 CNB02-B08
C	28	78.2	3.8	1811	10	CG753732	CG753732 P04-8-G0
C	29	77.6	3.7	1632	10	CL082565	CL082565 CH216-167
C	30	77.4	3.7	1095	1	AJ926415	AJ926415
C	31	77.4	3.7	1313	7	CK9971149	CK9971149 Ip15C02.b
C	32	77.4	3.7	1388	10	AG2781212	AG2781212 Mus muscu
C	33	76.8	3.7	1202	9	CG262841	CG262841 CH261-167
C	34	76.4	3.7	1200	1	AJ928743	AJ928743
C	35	76.4	3.7	1277	9	CC253231	CC253231 CH261-180
C	36	76.4	3.7	1380	1	AJ928744	AJ928744
C	37	76.4	3.7	1626	6	CF238805	CF238805 AGENCOURT
C	38	76.4	3.7	1807	10	AG333676	AG333676 Mus muscu
C	39	76.2	3.7	1201	10	CNS016576	AL106396 Drosophi1
C	40	76.2	3.7	1210	10	CG749728	CG749728 P04-1-C0
C	41	76.2	3.7	1272	9	CC264939	CC264939 CH261-19L
C	42	76.2	3.7	1896	10	CG753083	CG753083 P048-1-C0
C	43	76	3.6	1962	10	AG390999	AG390999 Mus muscu
C	44	75.8	3.6	1101	10	CNS0039G	AL0633921 Drosophi1
C	45	75.8	3.6	1359	8	DN685273	DN685273 CGX40-G12

## ALIGNMENTS

RESULT 1	LOCUS	DEFINITION	ACCESSION	VERSION	KEYWORDS	SOURCE	ORGANISM
CL081966/c	CH081966	2157 bp DNA linear	CH216-16SD13	Sp5.1	CH216	Xenopus tropicalis	GSS 31-DEC-2003
			CH216-16SD13		genomic survey sequence.		
			CL081966				
			CL081966.1	GI:40537879			
			GSS.				
			Xenopus tropicalis		(western clawed frog)		
			Xenopus tropicalis				

REFERENCE 1 (bases 1 to 2157)

**TITLE** A physical map of the xenopus tropicalis genome  
**JOURNAL** Unpublished (2003)

**COMMENT**

Washington University School of Medicine  
Email: [submissions@wustl.edu](mailto:submissions@wustl.edu)  
Insert Length: 175000 Std Error: 0.00  
Seq primer: 5p5 atccgcgcgttcgatactc  
Class: BAC ends  
High quality sequence start: 341  
High quality sequence stop: 412.

## FEATURES

```

/organism="Xenopus tropicalis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="Nigerian frog"
/db_xref="taxon:8364"
/clone="CH216-165D13"
/sex="male"
/cell_line="Strock 248 F7A2, inbred N7"
/clone_lib="CH216"
/notes="Vector: pFARBAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis
AAC library"

```

**ORIGIN**

Query Match 4.8%; Score 100; DB 10; Length 2157;  
 Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 2.5e-08;  
 Matches 645; Conservative 0; Mismatches 820; Indels 13; Gaps 4;

QY 609 ACAATTGAACCTTAAGCTGGAACATCAGATGACTATTATTAACCTTTTAAAAAGAAATAT 668  
 DB 1775 ACACAAATTAATCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1716  
 QY 669 ACCATAATATAGTACTATTGTGCAATTAACCTTAAGAGAGACTAATTAACCTTGAAA 728  
 DB 1715 AATTCACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1661  
 QY 729 CGAACCTTAATAGATGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATGACTATTAATCTGT 788  
 DB 1660 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1601  
 QY 789 ATTAGATATCATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGATTCATAGG 848  
 DB 1600 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1541  
 QY 849 AAGATATGAGGACTTAATTAATCTGAACCTTAAGAGAAATTTATTAATCAATGAATTAAT 908  
 DB 1540 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1481  
 QY 909 TGACCGCTTAATCTTAACCTTAATCAACCAATCTGCTATTAATGATATTAATTAAT 968  
 DB 1480 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1421  
 QY 969 ACCTTCAGGCTTATGATTAATTTTCATT-TTTAGATGAATTTATTTTATTAATTAAT 1027  
 DB 1420 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1361  
 QY 1028 AAGCTATGAGGAAATCGTTTGTGATTCGAAATCGTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1087  
 DB 1360 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1301  
 QY 1088 CAGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1147  
 DB 1300 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1241  
 QY 1148 CATTTGAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1207  
 DB 1240 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1181  
 QY 1208 TTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1267  
 DB 1180 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1122  
 QY 1268 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1327  
 DB 1121 TAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1062  
 QY 1328 AATTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1387  
 DB 1061 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1002  
 QY 1388 ATAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1447  
 DB 1001 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 942  
 QY 1448 TAGCGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1507  
 DB 941 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 882  
 QY 1508 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1567  
 DB 881 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 822  
 QY 1568 ATACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1627  
 DB 821 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 768  
 QY 1628 AAGCTAAGGCGTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1687  
 DB 767 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 708  
 QY 1688 TTAGACTTCGATACGCTAACAAATGCTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1747

DB 707 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 648  
 QY 1748 TACGAGAGTAAATAGAAATACCACTCAAGCTCAACAACCTTTTCTGGTACAAAT 1807  
 DB 647 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 588  
 QY 1808 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1867  
 DB 587 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 528  
 QY 1868 CTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1927  
 DB 527 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 468  
 QY 1928 TCATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1987  
 DB 467 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 408  
 QY 1988 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2047  
 DB 407 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 348  
 QY 2048 CTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2085  
 DB 347 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 310

RESULT 2  
 CL509408 1758 bp DNA linear GSS 01-APR-2004  
 LOCUS SAIL\_811\_H11.v3 SAIL Collection Arabidopsis thaliana genomic clone  
 DEFINITION SAIL\_811\_H11.v3, genomic survey sequence.  
 ACCESSION CL509408  
 VERSION CL509408.1 GI:46006728  
 KEYWORDS GSS.  
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)  
 ORGANISM Arabidopsis thaliana  
 Buxarjoca; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;  
 rosids; eustoside II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1758)  
 Sessons,A., Burke,E., Presting,G., Aux,G., McElver,J., Patton,D.,  
 Dietrich,B., Ho,P., Bacwaden,J., Ko,C., Clarke,J.D., Cotton,D.,  
 Bullis,D., Snell,J., Miguel,T., Hutchison,D., Kimmery,B.,  
 Mitzel,T., Katagiri,F., Glazebrook,J., Law,M. and Goff,S.A.  
 A high-throughput Arabidopsis reverse genetics system  
 JOURNAL Plant Cell 14 (12), 2985-2994 (2002)  
 PUBMED 12468722  
 COMMENT Contact: Sessons A  
 Applied Trait Genetics  
 Symbenta Biotechnology Inc.  
 3054 Cornwallis Rd., Research Triangle Park, NC 27709, USA  
 Email: allen.sessons@symbenta.com  
 ABRC Stock Number GS836276; T-DNA left border flanking sequences of  
 Symbenta Arabidopsis Insertion Library (SAIL) lines are available  
 through the Arabidopsis Biological Resource Center (ABRC).  
 Sequences represent a pool of amplified genomic regions and not  
 single contiguous sequences.  
 Class: TDNA tagged.  
 Location/Qualifiers

FEATURES  
 source  
 1..1758  
 /organism="Arabidopsis thaliana"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /ecotype="Columbia"  
 /db\_xref="taxon:3702"  
 /clone\_lib="SAIL\_811\_H11.v3"  
 /note="T-DNA left border sequences were isolated using a  
 modified Tail-PCR strategy"

ORIGIN  
 Query Match 4.7%; Score 98.4; DB 10; Length 1758;

QY	549	AAATTTTTCACAAAGGTGCTGAATTGGCTGATGGAATCGAATGCAATATACATCTTC	608
Db	144	AA	203
QY	609	ACAAATTGAACCTAATGCTGGAAACATCGATGACTATATTAACCTTTTAAAGAAATAT	668
Db	204	AA	263
QY	669	ACCTAAATATATGTACTATTTGTGCAATATCTATAGAGAGAGACTAAATAACTTCGAA	728
Db	264	NN	323
QY	729	CGAACCTAATATGAGATGAGACTATATTTAATGATTAATCGAGATATATGACTATACGT	788
Db	324	NAANN	383
QY	789	ATTGATACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATATAAAGATACAAAGATTCAAATGAG	848
Db	384	ANAAAAAAAAAAAAAAAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN	443
QY	849	AAGATAGGTGGCACTTAAACTGAACCTTACAGAGAAATTTATACAACCTGAATPAATTT	908
Db	444	AAANN	503
QY	909	TGACCGCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTGCTATATGGAATATTAATTTAC	968
Db	504	ANNN	563
QY	969	ACGTTCAAGGCTTATGATTTATTTTCAATTTTATGATGAACCTTATTTTATACAAAAAA	1028
Db	564	AAAAAANNANNAANANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN	623
QY	1029	AACGTACGGGAATCGTTAGTTGATTTGCGAATCGTAATAGATCTACTATGCTACGAC	1088
Db	624	AAANN	683
QY	1089	AGGAACGTGAATTTATATATGAGAAAGACAGCTCCACCCACACAAACCTTAAATACC	1148
Db	684	ANNN	743
QY	1149	ATTGAATTCCTATAAGTTTCAATTGTATCGATAGACAAGTAATCTCTACTCCCTTT	1208
Db	744	AAAAAANNANNAANNAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN	803
QY	1209	TCCTACATATACCTTACATTAATCAATTTGAACCTTATTTAAATAATGACCTAGTAA	1268
Db	804	NATTAANNN	863
QY	1269	TAAATTAACATTCACAGCTGGGGGAATTTTCTA--ATGATAAAAAACAACGATTT	1325
Db	864	ATAATTAATAATATAATATAATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	923
QY	1326	TCAATTTCTGTAAAAAAGACGTGAACCAATTAATATCCAAATGTTTATACCAAGCTA	1385
Db	924	TNAAAAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	983
QY	1386	TAAATAGTAAAGTCATTTTATCCAGATTTTCTTATTTAATTAATTCATTAATAATGG	1445
Db	984	TAAATTAATATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1043
QY	1446	ATTGACGCTAATATATTAATTAACAGCTGCAATTAAGATGAGACACACATAGCTTAATAG	1505
Db	1044	ATAAATAATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1103
QY	1506	AAATATATGCAATATCAGATAAATAATTAATTAACATGATCCACAGCAATCAAAAGTAA	1565
Db	1104	NTTTTAATTAATTAATAATTAATTTTNTATATTAATTAATNTTTTAATTAATTAATTA	1163
QY	1566	TGATATCAAACTCTAAGGTAATTTGAAGACCTGGTCAATACAGAGGAAACTTGGTTATTT	1625

	RESULT 3				
	CL082000/c				
LOCUS	CL082000	1981 bp	DNA	linear	GSS 31-DEC-2003
DEFINITION	CH216-165P18.RM4.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone				
	CH216-165P18, genomic survey sequence.				
ACCESSION	CL082000				
VERSION	CL082000..1	GI:40537913			
KEYWORDS	GSS.				
SOURCE	Xenopus tropicalis (western clawed frog)				
ORGANISM	Xenopus tropicalis				
	Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;				
	Ambiphilia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidoidea; Pipidae;				
	Xenopodinae; Xenopus; Silurana.				
REFERENCE	1 (bases 1 to 1981)				
AUTHORS	Kremitzki,C., Carter,J., McPherson,J., Warren,W., Graeve,T., Mardis,E. and Wilson,R.				
TITLE	A physical map of the xenopus tropicalis genome				
JOURNAL	Unpublished (2003)				
COMMENT	Contact: Richard K Wilson  Genome Sequencing Center Washington University School of Medicine Email: submissions@watson.wustl.edu Insert Length: 175000 Std Error: 0.00 Seq primer: RM4 ctcaaggcatcgctgcagc Class: BAC ends High quality sequence start: 265 High quality sequence stop: 497.  Location/Qualifiers  1..1981				
FEATURES					
SOURCE					

FEATURES	source
location/Qualifiers	
1..1981	
/organism="Xenopus tropicalis"	
/mol_type="genomic DNA"	
/strain="Nigerian frog"	
/db_xref="taxon:8364"	
/clone="CH216-16SP18"	
/sex="male"	
/cell_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"	
/clone_1b="CH216"	
/note="Vector: pYARAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis"	



QY 638 ATGCTATTAATTAATCTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTACTATTTGCAATA 697  
 DB 1339 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1280  
 QY 698 CTTATAG 757  
 DB 1279 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1220  
 QY 758 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 817  
 DB 1219 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1161  
 QY 818 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 877  
 DB 1160 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1101  
 QY 878 CAG 937  
 DB 1100 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1041  
 QY 938 CCAATCTGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 997  
 DB 1040 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 981  
 QY 998 TAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1057  
 DB 980 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 921  
 QY 1058 CCAATCTGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1117  
 DB 920 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 861  
 QY 1118 CAGGTCACCAAG 1177  
 DB 860 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 801  
 QY 1178 CTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1237  
 DB 800 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 741  
 QY 1238 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1297  
 DB 740 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 681  
 QY 1298 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1357  
 DB 680 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 621  
 QY 1358 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1417  
 DB 620 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 561  
 QY 1418 CTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1477  
 DB 560 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 501  
 QY 1478 TAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1537  
 DB 500 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 441  
 QY 1538 TGATCCAG 1573  
 DB 440 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 405

RESULT 5  
 AG340947/c 1539 bp DNA linear GSS 18-DEC-2004  
 LOCUS AG340947 mus musculus molossinus DNA, clone:MSW01-134C16.T7, genomic survey  
 DEFINITION AG340947  
 ACCESSION AG340947  
 VERSION AG340947.1 GI:47914257

KEYWORDS  
 SOURCE GSS.  
 ORGANISM Mus musculus molossinus  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.  
 REFERENCE  
 AUTHORS Abe, K., Noguchi, H., Tagawa, K., Yuzuriha, M., Toyoda, A., Kojima, T., Ezawa, K., Saitou, N., Hattori, M., Sakaki, Y., Moriwaiki, K. and Shiroishi, T.  
 TITLE Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence-SNP analysis  
 JOURNAL Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)  
 PUBMED 15574823  
 REFERENCE  
 PUBLISHED 2 (bases 1 to 1539)  
 AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC); 1-7-22 Suenho-chou, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:hattori@sc.riken.jp, URL:htp://hnp.gsc.riken.go.jp/, Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)  
 COMMENT Clones are derived from the mouse BAC library MSW01. For BAC library availability, please contact Kuniya Abe (abe@rtc.riken.jp). Tsukuba Institute, Bio Resource Center.  
 The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1 Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan  
 phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199  
 e-mail: abe@rtc.riken.jp  
 PRIMERS  
 Sequencing : T7  
 LIBRARY  
 Vector : pBAC3.6  
 R.Site 1 : EcoRI  
 R.Site 2 : EcoRI.  
 FEATURES  
 source location/Qualifiers  
 1..1539  
 /organism="Mus musculus molossinus"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /sub\_species="molossinus"  
 /db\_xref="taxon:57486"  
 /clone="MSW01-134C16.T7"  
 /sex="male"  
 /tissue\_type="mixture of kidney and spleen"  
 /clone\_id="MSW01 Mouse Male BAC Library"  
 ORIGIN  
 Query Match 4.3%; Score 90; DB 10; Length 1539;  
 Best Local Similarity 42.2%; Pred. No. 1.8e-06;  
 Matches 603; Conservative 0; Mismatches 822; Indels 5; Gaps 4;  
 QY 636 AGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 695  
 DB 1528 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1469  
 QY 696 TACCTATAG 755  
 DB 1468 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1409  
 QY 756 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 815  
 DB 1408 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1349  
 QY 816 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 874  
 DB 1348 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1289  
 QY 875 TTAAG 934  
 DB 1288 GTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1229  
 QY 935 AACCAATCTGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 994



D	b		1228	A T A T A A T A A T G T A T A A A A T A T A T T T A A T A A T A A T A A T A A G T T A A T A T A T A T A T A T - A T	1171
O	y		995	T T T T A G A T G A A C T T A T A T T T T A T A C A A A A A T G A A A C G T A C G G A A T C G T T A G T T G T A	1054
D	b		1170	T T A T A N A T A A T T A F A M G T A T A T A A A T T A A A T A A T A N T A N T A N T A A T T T A T A A A T	1111
O	y		1055	T T G C G A A T C G T A T A T G A T C T A C T T A T G C T A C G A C G A A C T G A A T T T A T A T R G G A A A	1114
D	b		1110	A T T A A A T T T A A A A A T A T A T A A A T T A A A A A A T T A T A T A A T T A A T A T A T A G A T T A T T A T T A	1051
O	y		1115	G A C A G G T C C A C C C A C A C A A A A C T T T A A T A C A T T T G A A T C C A T A A G A T T C A A T T G	1174
D	b		1050	T A A T T A T A T A A A A A A T A A A A A A T A A A A A A T T T A T A T A T A T A A A A T T A A A T	991
O	y		1175	T A A C T G A T A G A C A A G T A A C T C C A C T T C C C T T T T C C T A C A T A T A C T T A C A A T - T A A T	1233
D	b		990	T A T A T A A A A A A A A A A A T A T A T T A T A A A A A A A T A T A A T A T A T A A A A A T A T T T A T A T A	931
O	y		1234	C A A A T T G A C T T A T T T A A T A A T T C A C C T A G T A T A T A A T T A A C A T A T T C A G C T G G G G G	1293
D	b		930	T T A A T T T A A T T A A T T A T A T A T A A A A T T A A A A T T A T A G T A A A A A A A A A T T A A T A T T A T T A	871
O	y		1294	A A T T A T C T A A T G A T A A A A A A A A C A C T G A T T T T C A A T T T C C T A A A A A A A A G C T G T A A	1355
D	b		870	T A A T A T A A A A A T A T A A A A A A T A T A A T A A T A A A A T A T A A A A T A T A A A T T A A A T A G A T A	811
O	y		1354	C C A A T T A T T A A T C C A A A T T G T T P A C C A A C T A T A A T A G T T A T A G C A T A T T T T A T C C G A	1413
D	b		810	A A A T A T A A A A A A T T A A A A A A A T A T A A A A A T A A A A A A T A - T A A T A T A A A A A A A T	752
O	y		1414	T T T T C T T A T T T A A T A T T C C T A T A A A T T G G A T T A G C G C T A A A T A T A T A T A T A T A C A G T	1473
D	b		751	A T A A A A T T T A T A T A T T A A T A T A A A A A A T T A A A A A A A A A A A A A T T A T A A T A T A T A	692
O	y		1474	G C A T T A G A T G G A C A C A C A G T A G T G T T A T A G A A T A N G C A A T C A T C A G A T T A A A T A T T	1533
D	b		691	A T T A A A T A A A A A A A A A A T A T A A A A A T T A A A A A A A A A A T A A T A T A T A A A A A A A T A	632
O	y		1534	A C A A T G A T C C C A C A A T C A A A G A A G T A A C A G T C T T G A T A C A A A C T C A A G G T A A T T A A A G A	1593
D	b		631	A A T T A A A T A T A A G A T A T A T T A A A T T A T A A A A A A A A A A A A A A A T A A T A T A T A T A A A A A	572
O	y		1594	C T G T G C A T A C A G A G A A A C T T G T T A T T T T C A A A G C A A G G C G T T T A G A A T T A C A	1653
D	b		571	A A A A A T A A T A T A T A T A A A A A T T A A A A T T A T A T A T A A A T A A T A A T A A T A A A A A A A T A	512
O	y		1654	T G T A G A C T C C T A A T T C T A C A A A C T T A T A C A T T A G A C T T C G A T A C G T A C A A T G C T	1713
D	b		511	A A T A A T A A A T T A A A A T A A T A A T A A T A G A T T A T A A A A A T A T A T A T A A A A T A A A A T A T T	452
O	y		1714	G C T G A A A T A C T C T T C T A A T A T A T C T C T A C A A T A C A G A G A T A A T A A A T A C A C C T	1772
D	b		451	A T A A T G A A T T A A T A T T A T A	392
O	y		1774	C A A C A C T C A A C A A C A C T T T T T C T G T A C A A A T T A A T A A T T T A C A A T A C G A A T T T	1833
D	b		391	T A A A T A A A A A A A A A T A T A T A T A A T T A T A	332
O	y		1834	G G G A T T T C C A A T T T C C A A G T A C A G T A C A T T A C C T T T A A T C G A A C A T A C A T T A T A	1893
D	b		331	T A T A A A A A T T T A A A A T T T A A T T A A A T T T A A A T T A	272
O	y		1894	T T T A A T C G T G A G A T A T C A A A T T C A A A T T T A A C A T T G A T A A A A A A A A A A A A A A A A A A	1953
D	b		271	A T A A A T T T A A T A T A T A A T T A A A A A A A A A A T A A T T T A A A T T A A A A A A A A A A A A A A A	212
O	y		1954	A T T A C T C C T C T G T A C G C A A A A T A G A A A A A C A	2013
D	b		211	A A A T T A A A A A A A A A A A A A A A A T T A A G A	152
O	y		2014	A T A A A T A C A T T T T C A C A A A T C A T A C A A A A A A T A C T T A A A T A T A G A A G C	2063

[illegible]

QY 670 CCTAATATAGTAACTATGTCAGAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATTAACCTCGAAC 729  
 DB 1341 ATTAAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1282  
 QY 730 GAACCTATATAGATGAGATATATTAATGATTAATGAGATATATGACTATTAATGTA 789  
 DB 1281 AAAAAAAAAATT--ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1225  
 QY 790 TTAGTACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 849  
 DB 1224 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1165  
 QY 850 AGAATAGGTGCTAATTAACGAACTTCAAGAGAAATTTTACACAGCAATTAATTTT 909  
 DB 1164 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1105  
 QY 910 GACCGTCTTACTTACCTTGAATTCACCAATCTGCTATTAATGATTAATTAATTAATTA 969  
 DB 1104 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1045  
 QY 970 CGTTACGGCTTGAATTAATTTTCAATTTTGAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAAT 1029  
 DB 1044 ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 985  
 QY 1030 ACGTAACGGAATCGTTTGTGATTCGCAATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1089  
 DB 984 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 925  
 QY 1090 GGAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1149  
 DB 924 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 865  
 QY 1150 TTGAATTCCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1209  
 DB 864 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 805  
 QY 1210 CCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1269  
 DB 804 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 745  
 QY 1270 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1329  
 DB 744 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 685  
 QY 1330 TTTCCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1389  
 DB 684 TTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 625  
 QY 1390 AGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1449  
 DB 624 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 565  
 QY 1450 GCGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1507  
 DB 564 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 505  
 QY 1508 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1567  
 DB 504 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 445  
 QY 1568 ATCAAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1627  
 DB 444 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 391  
 QY 1628 AAAGTCAAGGCGTTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1687  
 DB 390 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 331  
 QY 1688 TTAGACTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1747  
 DB 330 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 271

QY 1748 T 1748  
 DB 270 T 270  
 RESULT 7  
 AG386981/c  
 LOCUS  
 DEFINITION Mus musculus molossinus DNA, clone:MSMg01-201G10.TJ, genomic survey  
 ACCESSION AG386981  
 VERSION AG386981.1 GI:47998186  
 KEYWORDS GSS.  
 SOURCE Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)  
 ORGANISM Mus musculus molossinus  
 Eukaryote; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.  
 REFERENCE  
 AUTHORS Abe, K., Noguchi, H., Tagawa, K., Yuzurika, M., Toyoda, A., Kojima, T., Ezawa, K., Saitou, N., Hattori, M., Sakaki, Y., Moriaki, K. and Shiroishi, T.  
 TITLE Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence-SNP analysis  
 JOURNAL Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)  
 PUBMED 15574823  
 REFERENCE  
 AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC); 1-7-22 Suenho-chou, Tsukuba, Ibaraki, Japan, 305-0857, Japan (E-mail: hattori@gsc.riken.jp, URL: http://hgp.gsc.riken.jp/), Tel: 81-45-503-9111, Fax: 81-45-503-9170  
 COMMENT Clones are derived from the mouse BAC library MSMg01. For BAC library availability, please contact Kuniya Abe (abe@rtc.riken.jp).  
 Teikoku Institute, Bio Resource Center  
 The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1  
 Tsukuba, Ibaraki, 305-0857 Japan  
 phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199  
 e-mail: abe@rtc.riken.jp  
 PRIMERS  
 Sequencing : TJ  
 LIBRARY  
 Vector : pBACe3.6  
 R.Site 1 : EcoRI  
 R.Site 2 : EcoRI  
 FEATURES  
 source location/Qualifiers  
 1..1542  
 /organism="Mus musculus molossinus"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /sub\_species="molossinus"  
 /db\_xref="taxon:57486"  
 /clone="MSMg01-201G10.TJ"  
 /sex="male"  
 /tissue\_type="mixture of kidney and spleen"  
 /clone\_id="MSMg01 Mouse Male BAC Library"  
 ORIGIN  
 Query Match 4.3%; Score 89.4; DB 10; Length 1542;  
 Best local similarity 42.7%; Pred. No. 2.3e-06;  
 Matches 550; Conservative 0; Mismatches 730; Indels 7; Gaps 3;  
 QY 772 TATATGACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 831  
 DB 1467 TATATGACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1408  
 QY 832 TACAAAGTTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 891  
 DB 1407 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1348  
 QY 892 ACACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 951

[illegible][illegible]

QY	815	TTTATGATATAAGATACAAAGATTCAATAGGAAGATGGCGCATTTAAACTGAC	874
Db	373	TTTAAATATATAAATAAATAATATAATATAAATAAATAAATAAATAAATAA	432
QY	875	TTACAGAGAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGTCTTACTTACCTGAAATTC	934
Db	433	AAAAATATAAATAATTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	492
QY	935	AACCAATCTGCTATAATGAATATAATTAAACAGCTTGAGGCTTAGATTATTCAT	994
Db	493	AAAAAAAAAGCAAAAAAACACCTTTTTTTTTTTTTTGAGGGGAGAAAAA	552
QY	995	TTTATGATGAACCTTATATTTATACAAAAATGAAAGTACGGGAATCGTTAGTGTA	1055
Db	553	AAAAAACCCCAATTAATATTTTTTTTTAAAAATAAAAATAAAAATATAA	612
QY	1055	TTGGGAATCGTAATAGATCTACTTAATGCTACGACAGAACTGAATATATATGAGAAA	1114
Db	613	ATATATATAATTTATATAAGTTAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	672
QY	1115	GAGACGCTCACCAACAATAAACTTTAATACCAATTTGAAATCCTATTAAGTTTCAATYG	1174
Db	673	AAAAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	732
QY	1175	TACTGATAGACAGTACTCTCTACTTCCCTTTCTTCAATATACCTTACATTAATC	1233
Db	733	AAAAATATAATATAAGAAA-----ATATATATATATAAATAAATAAATAAATAA	788
QY	1235	AAATGAACCTTATATTAATATATACCTAGTAATTAATTAACATATCAGGTGGGGGA	1294
Db	789	ATATAAATAATTTATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	848
QY	1295	ATTATCTATGATATAAATAAACACTGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTA-AA	1353
Db	849	AATATATATAAATAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	908
QY	1354	CCAATTATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTATTAATAGTATAGTCATATTTTATCCAG	1413
Db	909	AAAAATATAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	968
QY	1414	TTTTCTTATTAATTAATTCCTATTAATTTGATAGGCTAAATATATTTATATACAGGT	1473
Db	969	AAAAATATATAAATAATTAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1028
QY	1474	GCATTAGATGAGACACAGATAGTGTATATGAATAATGCATATCAGATTAATAATTT	1533
Db	1029	AATTAATAATTTAATAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1088
QY	1534	ACAATGATCCAGCAATCAAGATACAGTCTTGATCAAACTTAAGGTAATTGAAGA	1593
Db	1089	AAAAATATAAATAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1148
QY	1594	CCTGCTCATACAGGAGAACTTGGTTATTTCAAAAGTCAAGGCGTTAGAGTTACA	1655
Db	1149	AAATATAAATAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1208
QY	1654	TGTAGAACTCTCAATTTACACAACTTATTAACATTAGACTTCGATACGAATAGT	1713
Db	1209	AAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1266
QY	1714	GCTGGAATACTCTCTCAATATATCTTTACAATACAGAGATATAGAAATACACCT	1773
Db	1269	AAATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1328
QY	1774	CACGACATCAACAACATTTTCTGCTCAAAATTTATATTAATTTCAATACGGAATTT	1833
Db	1329	TAGAAAAAATAAATAA-----TAAATATATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1378
QY	1834	GGGTATTTCCATTTCCAAATGACAGTACATTAATTAATTAATCGAACTATCC-ATTAT	1892
Db	1379	ATATATAAATAATATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1433
QY	1893	ATTATATGTCGATGATATCAATTTCAATTTATCATGTATAAATGAATTTATACC	1955

[illegible]



RESULT 11	1348 bp	DNA	linear	GSS 24-OCT-2003
LOCUS CG749499/c				
DEFINITION P043-4-A06.za Ppa EcORI BAC library <i>Pristionchus pacificus</i> genomic.				
ACCESSION CG749499				
VERSION CG749499.1				
KEYWORDS GSS.				
SOURCE <i>Pristionchus pacificus</i>				
ORGANISM <i>Pristionchus pacificus</i>				
REFERENCE Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida; Neodiplogasteridae; <i>Pristionchus</i> .				
AUTHORS 1 (baes 1 to 1348)				
TITLE Srinivasan,J., Sinz,W., Jesse,T., Wiggers-Pereboile,I., Jansen,K., Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.				
JOURNAL An integrated physical and genetic map of the nematode <i>Pristionchus pacificus</i>				
PUBMED Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)				
COMMENT 12884007				
CONTACT: Sommer RJ				
Evolutionary Biology				
Max-Planck-Institute for Developmental Biology				
Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany				
Tel: 00497071601371				
Fax: 00497071601498				
Email: ralf.sommer@tuebingen.mpg.de				
Class: BAC ends.				
Location/Qualifiers				
1..1348				
/organism=" <i>Pristionchus pacificus</i> "				
/mol_type="genomic DNA"				
/strain="California"				

```

/db xref="taxon:54126"
/clone lib="Ppa Ecoli BAC Library"
/note="The library was generated by a partial digest of
the genomic DNA with EcoRI and cloning into the BAC
vector."

ORIGIN

Query Match      4.2%; Score 86.8; DB 10; Length 1348;
Bsect Local Similarity 43.4%; Pred. No. 7e-06;
Matches 490; Conservative 0; Mismatches 633; Indels 7; Gaps 2;

QY  ATATATATTAACAGCTTCAGGCGCTTACATTTCTTCTTATAGATCACTTATTTTA 1016
DB  ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
1331 ATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1272
QY  1017 TACAAAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTAGTTGGTATGCGAATCGTAATGATCTAC 1076
DB  1271 TATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1212
QY  1077 TTATGCTACGACGGAAGTCAATTAATTAATGAGAAAGAACAGCTCACCCACACAAA 1136
DB  1211 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1152
QY  1137 AACCTTAATACCATTT--GAATCCTTAAGTTTCAATGTTAATGATGACAGTAAAC 1193
DB  1151 TTTTAATTAATTAATTTTATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1092
QY  1194 TCTTACTTCCCTTTTCTTCAATATATCTTTACATTAATCAAAATGAACTTTATTTAA 1253
DB  1091 TATATAATAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1032
QY  1254 TAAATTCACCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1313
DB  1031 AAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAA 972
QY  1314 AACACATGATTTCAATTTCTGTAAAAAAGACGTAAACCAATTAATTAATCCAAATG 1373
DB  971 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 912
QY  1374 TTTCACAAAGCTATATAGTTTATAGTCATATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAAATATTC 1433
DB  911 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 852
QY  1434 CTATTAATTAATGATTAAGCGCTAAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1493
DB  851 AAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAA 792
QY  1494 TAGCTTAAATGAATTAATGAATTAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1555
DB  791 AAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAA 732
QY  1554 AGGTAAACAGCTCTTGATCAAACTCTAAGGTAATGAAGACCTGGTCTATACAGAGAGAA 1613
DB  731 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 672
QY  1614 CTGGTTTATTTACAAAGCTCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTAC 1673
DB  671 AAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAA 616
QY  1674 ACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1733
DB  615 TTATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATA 556
QY  1734 TATATCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1793
DB  555 TTTAATAATAAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 496
QY  1794 TTCTGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1853
DB  495 AAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAA 436
QY  1854 TAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1913

```



[illegible][illegible]



## ORIGIN

Query Match 4.1%; Score 85; DB 10; Length 1391;  
 Best Local Similarity 45.1%; Pred. No. 1.5e-05;  
 Matches 435; Conservative 0; Mismatches 513; Indels 16; Gaps 4;

QY 1129 ACAACAAAACCTTAAATACATTCGATCCTATTAAGTTCAATGTAAGTACGATAGACAA 1188  
 DB 1330 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1271  
 QY 1189 GTAACCTCTACTCCCTCTTCTCAACATPACTTACATTAATCAATTAATGAACCTTAT 1248  
 DB 1270 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1211  
 QY 1249 TTAATTAAT--TCACCTAGTAATAATTAACATATTCGCGGGGGAATTAATCTANG 1306  
 DB 1210 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1151  
 QY 1307 ATAAAAAACAACGATTTTCAATTTCCGTAAAAAAGACTGAACCAATTAATTAATC 1366  
 DB 1150 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1091  
 QY 1367 CAATGTTTCAACAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1426  
 DB 1090 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1031  
 QY 1427 ATATTCCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1486  
 DB 1030 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 971  
 QY 1487 CACACAGTAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1546  
 DB 970 TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 911  
 QY 1547 CAATCAAAAGTAACAGCTGTGATCAAACTTAAGTAATTAAGAACCTGTGCTACAG 1606  
 DB 910 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 852  
 QY 1607 GAGGAACCTGTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1666  
 DB 851 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 792  
 QY 1667 ATTTACACAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1726  
 DB 791 AAAAAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 732  
 QY 1727 TTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1783  
 DB 721 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 672  
 QY 1784 -----ACAACACTTTTCTGTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1836  
 DB 671 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 612  
 QY 1837 TATTTCAATTTCCAGTAGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1896  
 DB 611 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 552  
 QY 1897 AATCGTGAGAT--GTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1953  
 DB 551 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 492  
 QY 1954 ATTACTCTCTGTGCGCAAAATGAGAAAAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2013  
 DB 491 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 432  
 QY 2014 ATTAATTAATTTTTCACAAATCATCAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2073  
 DB 431 AAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 372  
 QY 2074 GATA 2077  
 DB 371 AAAA 368

RESULT 14  
 CL068807/c  
 LOCUS CH216-115B3 1242 bp DNA linear GSS 31-DEC-2003  
 DEFINITION CH216-115B3, Sp6.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone  
 ACCESSION CL068807  
 VERSION CH216-115B3, genomic survey sequence.  
 KEYWORDS CL068807.1 GI:40524720  
 SOURCE GSS.  
 ORGANISM Xenopus tropicalis (western clawed frog)  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidoidea; Pipidae;  
 Xenopodidae; Xenopus; Silurana.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1242)  
 AUTHORS Kremiczki,C., Carter,J., McPherson,J., Warren,W., Graves,T.,  
 Mardis,B. and Wilson,R.  
 TITLE A physical map of the xenopus tropicalis genome  
 JOURNAL Unpublished (2003)  
 COMMENT Contact: Richard K Wilson  
 Genome Sequencing Center  
 Washington University School of Medicine  
 Email: submissions@wustl.edu  
 Insert Length: 175000 Std Error: 0.00  
 Seq primer: Sp6 ATTTAGGTGACACTATAG  
 Class: BAC ends  
 High quality sequence start: 7  
 High quality sequence stop: 57.  
 Location/Qualifiers  
 1..1242  
 /organism="Xenopus tropicalis"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /strain="Nigerian frog"  
 /db\_xref="taxon:8364"  
 /clone="CH216-115B3"  
 /sex="male"  
 /cell\_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"  
 /clone\_lib="CH216"  
 /note="Vector: pPARBAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis  
 BAC library"

ORIGIN

Query Match 4.1%; Score 84.6; DB 10; Length 1242;  
 Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 1.8e-05;  
 Matches 421; Conservative 0; Mismatches 506; Indels 4; Gaps 3;

QY 538 AATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 597  
 DB 947 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 888  
 QY 598 ATACATCTTCAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 657  
 DB 887 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 828  
 QY 658 AAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 717  
 DB 827 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 768  
 QY 718 AAACCTGCAACGAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 777  
 DB 767 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 708  
 QY 778 ACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 837  
 DB 707 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 648  
 QY 838 GATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 897  
 DB 647 TATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 588  
 QY 898 GAAATTAATTTTGAACCGCTTACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 957

D	b		587	ATATGAAATAAATTATTTATTAATGAATCTTAAATGTAAAAGGGATTATATATATATATAA	528
Oy			958	TATATATTACACGCTTCAGGGCTTAGATTATTTCAATTTTTAGATGAACCTATATTTAT	1017
D	b		527	TATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	468
Oy			1018	ACAAAAATGAAACGTAACGGGAATCGTTAGTGGAATGCCTAACCTAGTACT	10777
D	b		467	AAAAAAAAATTAAGAAAAAGAATTTTTTTTTTTTTTTAAAAAAATTAATTAATTAAT	408
Oy			1078	TATGCTACGACGAGAACTGAAT-TATATATGAGAAAAACAAGCTCCACCAACAAA	1136
D	b		407	TATTTTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	348
Oy			1137	AACCTTAATACCATTTGGAATCCTTAATGAAGTTTCAAATGCTAGTAGACAGTAACC	1196
D	b		347	ATAAATTTTAATATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	288
Oy			1197	TACTTCCCCTTTCCCTAACATATACTTTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1256
D	b		287	TAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	230
Oy			1257	TTTCACTAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1316
D	b		229	AT-ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	171
Oy			1317	AACGATTTTCAATTTCCCTGTAAAAAAAAGCTGAACCAATTAATTAATTAATTAAT	1376
D	b		170	TTAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	111
Oy			1377	ACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1436
D	b		110	CTTTTCTTTTCTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTT	51
Oy			1437	TAAATTGATTAAGGTGCTTAATTAATTAATTAAT 1467	
D	b		50	AAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	20
RESULT 15					
LOCUS			AG279272/c		
DEFINITION			Mus musculus molossinus DNA, clone:MSMg01-050k24.TU, genomic survey sequence.		
ACCESSION			AG279272		
VERSION			AG279272.1		
KEYWORDS			GI:47852149		
SOURCE			GSS.		
ORGANISM			Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)		
REFERENCE					
AUTHORS			Abé,K., Noguchi,H., Tagawa,K.Y., Yuzuriha,M., Toyoda,A., Kojima,T., Ezawa,K., Saitou,N.N., Hattori,M., Sakaki,Y., Moriawaki,K. and Shirosahi,T.		
TITLE			Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to genome constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence-SNP analysis		
JOURNAL			Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)		
PUBMED			15574823		
REFERENCES			2 (bases 1 to 2270) Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y. Direct Submission Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC); 1-7-22 Suehiro-chou,Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:hattori@gsc.riken.jp, URL:http://hgpc.gsc.riken.go.jp/, Tel:+81-45-503-9111, Fax:+81-45-503-9170) Clones are derived from the mouse BAC library MSMg01. For BAC library availability, please contact Kunihiko Abe (abe@erc.riken.jp). The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-i-1		
COMMENT					

	Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
	phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
	e-mail: abe@rtc.riken.jp
	PRIMERS
	Sequencing : TV
	LIBRARY
	Vector : pBACe3.6
	R.Site 1 : EcorI
	R.Site 2 : EcorI.
FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..2270
	/organism="Mus musculus molossinus"
	/mol_type="genomic DNA"
	/sub_species="molossinus"
	/db_xref="taxon:57486"
	/clone="MSMg01-050A24.TU"
	/sex="male"
	/issue_type="mixture of kidney and spleen"
	/clone_id="MSMg01 Mouse Male BAC library"
ORIGIN	
Query Match	4.1%; Score 84.6; DB 10; Length 2270;
Bect Local Similarity	42.7%; Pred. No. 1.8e-05;
Matches 650; Conservative	0; Mismatches 869; Indels 5; Gaps 4;
Db	549 AAAATTAATTACAAGGTCGTGAATTGGCGTATGGAATGCAATGCAGATATACACTCTTC 608
	1971 AAACCTTTATATATTAATAATGATATGATTAATAAATGAATATTAAGAATATTGTTTTATTA 1912
Gy	609 ACAATTGAACCTTAATGCTGGAACATCATGATGACTATTATTAACCTTTAAAGAAAATAT 668
Db	1911 ATAAAAAAAGCTAACCTATATTAAGAAAAAGAAAAAAATATTAATATTTAAATTA 1852
Gy	669 ACTTAATATATGTACTATTGTGCAAAATCCTATAGAGAAAGAACTAATATAACTCGAA 728
Db	1851 TGAATTAATTAATAAATAATTAATTAAGATGCAATTAATATACAAAATTAATAATATTAAT 1792
Gy	729 CGAACCTAATATGAGATGAGATATATTAATGATTAATCGAAGATATATGACTATTCTGT 788
Db	1791 AAAATTAATTAATAAAGAAAAAGAAAAAAATTAATATAGAAATTAATTAAGAACTTA 1732
Gy	789 ATTATGATTCATCCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATATCAAGATTCATATRG 848
Db	1731 ATATTAATAATTAAGTTTAGAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1672
Gy	849 AAGATATGTCGCTTAAACCTGAACCTYACAAGAAATTTATCAACTGAATTAATTT 908
Db	1671 ATTAATAATTAATAAATCAATTAATAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAAT 1612
Gy	909 TGACCGCTTACTTAACCTTGAAATTCACCACATCTGCTATATGGAATTAATTTAAC 968
Db	1611 AAAAAAAAAAGATTAAGATTAAMAAAAAA-MAAAAAATTTTAAAAATTTAATGAAA 1553
Gy	969 ACCTTCAGGGCTTATGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACCTATATTTTATCAAAAAATGA 1028
Db	1552 AATATATTAATAAATAAATAATGAAGAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1493
Gy	1029 AACGTACGGGAATGTTTATGTTGTAATTCGAATCGTATATGATCTATATGCTACGAC 1088
Db	1492 TATTAATATATTAATTAATAAAGAAAAAATTAATTAATAAAGAAAAATGAATATTACAA 1433
Gy	1089 AGGAAC-T-GAAATTAATATGGAAGAAAGACAGTCACCCACACAAACAAACTTTAATA 1146
Db	1432 AAATTAATTAATAAATAAATAATTAATAAAGAAAAAATAAATAAAGTGAATAATTAATAA 1373
Gy	1147 CCATTTGATCTTAAAGTTTCATTTGTAATCTATGACAGATGACAGTAACCTCTACTCCCT 1206
Db	1372 AAATTAATGATTAATTAATCAATTAAGAAATTAAGAAATTAATAAATAATTAATAAAT 1313
Gy	1207 TTTCCTTAACATATACCTTAACAATTAATCAAAATGAACTTTATTTAAATTAATTCACCTAGT 1266
Db	1312 TTTAATATATGATTAATAAATAATATATACAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAATTAAT 1253



Page 10 of 10

GenCore version 5.1.6  
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 11:32:30 ; Search time 10439.5 Seconds  
(without alignments)  
11352.922 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085  
Sequence: 1 atgtgtcaaggaagatacaca.....caactatgatattgattaa 2085

Scoring table: IDENTITY\_NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5883141 seqs, 28421725653 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 11766282

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:1:  
1: gb\_ba:\*  
2: gb\_in:\*  
3: gb\_env:\*  
4: gb\_ov:\*  
5: gb\_ov:\*  
6: gb\_ov:\*  
7: gb\_ph:\*  
8: gb\_dr:\*  
9: gb\_to:\*  
10: gb\_stc:\*  
11: gb\_gy:\*  
12: gb\_un:\*  
13: gb\_vl:\*  
14: gb\_hlg:\*  
15: gb\_pl:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Length	DB ID	Description
1	2085	100.0	2085	CQ868309 Sequence
2	2085	100.0	2235	CQ868307 Sequence
3	1794.4	86.1	2208	CQ868305 Sequence
4	334.6	16.0	3543	BTT0XD1
5	334.6	16.0	4253	BACISRH4
6	334.6	16.0	4451	108083
7	334.6	16.0	4451	109103
8	334.6	16.0	4934	E01676
9	334.6	16.0	127923	BTBTOXIS
10	221.8	10.6	6009	BTBTOXIS
11	202.8	9.7	4334	DO078744
12	190.8	9.2	4959	AF285775
13	180.4	8.7	3752	AB125059
14	170	8.2	3642	AB193814
15	161.2	7.7	4896	AF132928
16	159.6	7.7	127923	BTBTOXIS
17	158	7.6	3753	BACMSQB
18	146.6	7.0	3756	E00614

19	144	6.9	3644	1	BTH251978
20	117	5.6	15548	6	AX347057
21	112.4	5.4	1993	6	103578
22	105.8	5.1	133877	14	AC120883
23	100.6	4.8	3535	6	106096
24	100.6	4.8	3684	1	BTT0XD
25	100.6	4.8	3684	1	BTT0XD2
26	100.6	4.8	3684	1	108884
27	99.4	4.8	1728	6	103580
28	99.4	4.8	17670	8	AC104073
29	99.2	4.8	349980	6	AX344555
30	99	4.7	4186	1	BACISRH3
31	99	4.7	4186	6	E01905
32	98.2	4.7	72243	8	AL731858
33	97.8	4.7	3535	6	AL1029
34	97.8	4.7	4056	1	BACRID2
35	96.8	4.6	254050	2	PFA292358
36	96	4.6	104992	14	AC005504
37	96	4.6	169546	14	AC004157
38	96	4.6	176898	8	AC117569
39	96	4.6	250421	2	AE014849
40	95	4.6	3668	1	D88361
41	94.4	4.5	110000	14	PFMALBP1_05
42	93.6	4.5	8056	6	AX599046
43	93.6	4.5	348174	2	CR382399
44	92.6	4.4	3507	1	BTU04365
45	92.6	4.4	3507	6	125972

#### ALIGNMENTS

RESULT 1	CQ868309	Sequence 10 from Patent WO2004074462.	2085 bp	DNA	linear	PAT 13-SEP-2004
LOCUS	CQ868309	GI:51998355				
DEFINITION	CQ868309	GI:51998355				
ACCESSION	CQ868309	GI:51998355				
VERSION	CQ868309.1	GI:51998355				
KEYWORDS						
SOURCE						
ORGANISM						
REFERENCE						
AUTHORS						
TITLE						
JOURNAL						
FEATURES						
SOURCE						

1. 2085  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="unassigned DNA"  
/db\_xref="taxon:1428"  
1. 2085  
/note="unassigned protein product"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/protein\_id="CAH3950.1"  
/db\_xref="GI:51998355"  
/translation="MCGNTQYGDNFETPASADTIAVSAAGTIVSGTLLAGIGLTSI  
SGPIGIGATIIISRGTLITVFWPAGBEDKVTWQIFWVGSRIFVDTPTESIKOLLOT  
LBGFRQIOLSYNRLADWRKRLKLOAGLPPSSALOQALATIKRFRVNDPFRREP  
GFOLETKYTLPLTYADANFHLNLDQGAFLADBNADHPGSIENPAGSDVYKL  
LKENIPKYSYCANFYREGINKRNEEMWMSLENDYRRYMTIVLDTIAQFSFYDK  
RYKDSIGRIGIKTELRELYTTEINERDLTYLEIQNLAIMENLIRSGRLFSFLD  
ELIFYKNETYGRNLVGIANRSTVATYTGTEIIGYBRTGPPTKTLIPESYKVSIV  
TDROVTPSPENIYFTINQIEYLNNSPKNLKYSGMLSDNKTIDPOFPVKOC  
KPIINPCLPSYNSYFTIIISOFGLFNYSYTGALNTLVGALNTGATSSVNRNATSD  
KIITMPAIKNSLDITNSKITEBEGHGTGMLVYIQSQRLEITRTNSQSYTRLR  
YATNAGNTLPNLSLTIPGVIPTPQRLNTPFSGTNNIQQYGDPGFQPPSTVTLPL  
NRNIPFIRNADVNSILIIIDKIEFIPITSSVRNBRKOKLETIQTIXINTEFTNHTN  
TLNEATNVIDID"

ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 2085; DB 6; Length 2085;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.5e-271;  
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 1 ATGTGTCAAGGGAATACCAATATGGTGAATATTTGGAGACATTTGCTAGTCTGATACA 60
DB 1 ATGTGTCAAGGGAATACCAATATGGTGAATATTTGGAGACATTTGCTAGTCTGATACA 60
QY 61 ATTGTGCTAGTTAGTGAAGTACTAATTTGATCCGGTACTGTGTAGCCGGTATAGGTGG 120
DB 61 ATTGTGCTAGTTAGTGAAGTACTAATTTGATCCGGTACTGTGTAGCCGGTATAGGTGG 120
QY 121 CTGCACTTCTATATCCGGACCGATAGGAATATAGTGTCTAATAATATCTTTTGGTACC 180
DB 121 CTGCACTTCTATATCCGGACCGATAGGAATATAGTGTGTATTAATATCTTTTGGTACC 180
QY 181 CTATATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGGAGAACAGACAAACAGATATGACACATTTATT 240
DB 181 CTATATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGGAGAACAGACAAACAGATATGACACATTTATT 240
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACGTTAAGAGAAAGCATTAATAACGCTAAAGTTA 300
DB 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACGTTAAGAGAAAGCATTAATAACGCTAAAGTTA 300
QY 301 CAAACTTTAGAGAGATTTTGAACAATATTAACAAGCTATATACAGCATTTAGATGATGG 360
DB 301 CAAACTTTAGAGAGATTTTGAACAATATTAACAAGCTATATACAGCATTTAGATGATGG 360
QY 361 AGAAATTTAAAAAGATCAACAAGCTCCTGATTAACACATCATACAGATTAACAACAAGCT 420
DB 361 AGAAATTTAAAAAGATCAACAAGCTCCTGATTAACACATCATACAGATTAACAACAAGCT 420
QY 421 GCCTTGACCTTAAATATACGATTTGAGAAATGTTCAACAATGATTTTATGAGAAATACCT 480
DB 421 GCCTTGACCTTAAATATACGATTTGAGAAATGTTCAACAATGATTTTATGAGAAATACCT 480
QY 481 GGTTCGCAACTTGAAACTTATAAACGCTATTTACTATTTATATGCGCAAGCTGCTAAT 540
DB 481 GGTTCGCAACTTGAAACTTATAAACGCTATTTACTATTTATATGCGCAAGCTGCTAAT 540
QY 541 TTTTCATTTAAATTTTATCAACAAGGTGCTGAATTTGGCTGATGATGGAATGCAATATA 600
DB 541 TTTTCATTTAAATTTTATCAACAAGGTGCTGAATTTGGCTGATGATGGAATGCAATATA 600
QY 601 CATCCTTCAACAATTTGAACCTTAATGCTGAACATCAGATGACTATTAACCTTTTAA 660
DB 601 CATCCTTCAACAATTTGAACCTTAATGCTGAACATCAGATGACTATTAATTTTAA 660
QY 661 GAAATATATACCTTAATATAGTAACTATTTGCAAACTATAGAGAGACTTAATTA 720
DB 661 GAAATATATACCTTAATATAGTAACTATTTGCAAACTATAGAGAGACTTAATTA 720
QY 721 CTTCGAAACGAACCTTAATAGAGATGAGATATTTATGATTAATGCAATATATGACT 780
DB 721 CTTCGAAACGAACCTTAATAGAGATGAGATATTTATGATTAATGCAATATATGACT 780
QY 781 ATTAGCTATATAGTACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATTAATGAGATCAAGAT 840
DB 781 ATTAGCTATATAGTACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATTAATGAGATCAAGAT 840
QY 841 TCAATAGAGAAATAGGTGCACTTAATACTGAACCTTAACAAGAAATTTATACAACCTGA 900
DB 841 TCAATAGAGAAATAGGTGCACTTAATACTGAACCTTAACAAGAAATTTATACAACCTGA 900
QY 901 ATAAATTTTACCGCTCTTACTTACCTTGAATTCACCCCAATCTCGCTATATATGAAATAT 960
DB 901 ATAAATTTTACCGCTCTTACTTACCTTGAATTCACCCCAATCTCGCTATATATGAAATAT 960
QY 961 AATTTAACAAGTCAAGGCTTAGATTATTTCAATTTTATGATGAACTTAATTTTATACA 1020
DB 961 AATTTAACAAGTCAAGGCTTAGATTATTTCAATTTTATGATGAACTTAATTTTATACA 1020
```

```
QY 1021 AAAAATGAACGTACGGGAATCGTTTATGTTGATTCGCAATCGTATATAGATCTACTAT 1080
DB 1021 AAAAATGAACGTACGGGAATCGTTTATGTTGATTCGCAATCGTATATAGATCTACTAT 1080
QY 1081 GCTACGACAGGAACCTGAAATTTATATGAGAGAAAGAACGGTCCACCCCAACAAAACT 1140
DB 1081 GCTACGACAGGAACCTGAAATTTATATGAGAGAAAGAACGGTCCACCCCAACAAAACT 1140
QY 1141 TTAATACATTTGAATCTATTAAGTTTCAATTTGTAACTGATAGCAAGTAACTCTACT 1200
DB 1141 TTAATACATTTGAATCTATTAAGTTTCAATTTGTAACTGATAGCAAGTAACTCTACT 1200
QY 1201 TCCCTTTTCTTAACATATATCTTAACAATTAATCAAAATTTAAATTAATTAATTA 1260
DB 1201 TCCCTTTTCTTAACATATATCTTAACAATTAATCAAAATTTAAATTAATTAATTA 1260
QY 1261 CCTAGTAATTAATTAATCAATTTCACTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAACT 1320
DB 1261 CCTAGTAATTAATTAATCAATTTCACTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAACT 1320
QY 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAACCAATTAATCAATCAATTTGTTACCA 1380
DB 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAACCAATTAATCAATCAATTTGTTACCA 1380
QY 1381 AGCTATATATAGTTATATGATATTTTATCCAGTTTCTTATATTAATTTCTATTA 1440
DB 1381 AGCTATATATAGTTATATGATATTTTATCCAGTTTCTTATATTAATTTCTATTA 1440
QY 1441 ATTGATTTAGCGCTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500
DB 1441 ATTGATTTAGCGCTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500
QY 1501 AATAGAAATTAATGCAATATCAATTAATAATTAATTAATCAATGATCCAGCAATCAAGGTAAC 1560
DB 1501 AATAGAAATTAATGCAATATCAATTAATAATTAATTAATTAATCAATGATCCAGCAATCAAGGTAAC 1560
QY 1561 AGTCTTGATACAACTCTAAGGTAATGGAAGACCTGTGATATACAGAGAAAATTTGGTT 1620
DB 1561 AGTCTTGATACAACTCTAAGGTAATGGAAGACCTGTGATATACAGAGAAAATTTGGTT 1620
QY 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGGTTTAAAGATTAATATATATATATATATATATATATAT 1680
DB 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGGTTTAAAGATTAATATATATATATATATATATATATAT 1680
QY 1681 TATTTCAATTAAGCTTATACGTAACAATGAGTGTGAAATATCTTCTTAATATATCT 1740
DB 1681 TATTTCAATTAAGCTTATACGTAACAATGAGTGTGAAATATCTTCTTAATATATCT 1740
QY 1741 CTTCACATATACAGAGATTAATGGAATACCACTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGGT 1800
DB 1741 CTTCACATATACAGAGATTAATGGAATACCACTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGGT 1800
QY 1801 ACATATTAATTAATTTAATTAACGAGATTTTGGTATTTTCCAAATTTCAAGTACAGTA 1860
DB 1801 ACATATTAATTAATTTAATTAACGAGATTTTGGTATTTTCCAAATTTCAAGTACAGTA 1860
QY 1861 ACATTAACCTTTAAATGGAACATACATTTATATATATATATATATATATATATAT 1920
DB 1861 ACATTAACCTTTAAATGGAACATACATTTATATATATATATATATATATATATAT 1920
QY 1921 ATTTAATCATGATTAATTAATGGAATTAATCAATTTACTCTCTGTAGCCCAATTAAG 1980
DB 1921 ATTTAATCATGATTAATTAATGGAATTAATCAATTTACTCTCTGTAGCCCAATTAAG 1980
QY 1981 GAAAAACAAAATTTAGAACTATCCAAACAAAATTAATATATATTTTCACAATCATACA 2040
DB 1981 GAAAAACAAAATTTAGAACTATCCAAACAAAATTAATATATATTTTCACAATCATACA 2040
QY 2041 AAAAATACCTTTAATATATAGAGCCCAAACTATGATTTGATTA 2085
DB 2041 AAAAATACCTTTAATATATAGAGCCCAAACTATGATTTGATTA 2085
```

RESULT 2				
LOCUS	CO868307			
DEFINITION	CO868307	2235 bp	DNA	linear
ACCESSION	Sequence 8 from Patent WO2004074462.			
VERSION	CO868307			
KEYWORDS	CO868307.1	GI:51998353		
SOURCE				
ORGANISM	Bacillus thuringiensis			
	Bacillus thuringiensis			
	Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus			
	cereus group.			
REFERENCE	1			
AUTHORS	Carozzi, N., Hargiss, T., Koziel, M. G., Duck, N. B. and Carr, B.			
TITLE	Delta-endotoxin genes and methods for their use			
JOURNAL	Patent: WO 2004074462-A 8 02-SEP-2004;			
	Athenix Corporation (US)			
FEATURES	Location/Qualifiers			
source	1..2235			

**CDS**

```

/note="unnamed protein product"
/codon_start=1
/transl_table=11
/protein_id="CAH33949.1"
/db_xref="GI:51998354"
/translation="MNQNNDEEIIIDSKLSYSPNNDHISRYEPTYNTPNQPLOQNNTH
KEMLNQCGQTOGVDEHPFAPADITAAVSAGTYSGLTLAGIDGGLNLSIGPPII
AIIISFGTITVMPABQDQCTWOTQIMGELPDOTLPSLIRKOLKOTLEGRROILL
QSYNTALDDWRKRLKLOAPGLPSSALQQAALLTKRPENHANNDRITKLEPFOLEYET
QSYNTALDDWRKRLKLOAPGLPSSALQQAALLTKRPENHANNDRITKLEPFOLEYET
TLPLTAQAQANRLQQAALAPBMAWDHPISQLEPNMASTDYIKLLEKLEIPKYS
SNCANYTREGNLNLEENPMNRNSFENDRWYITLDTLTAAQSFYDIKYYKOSIDR
IGGKTLTREGNLNLEENPMNRNSFENDRWYITLDTLTAAQSFYDIKYYKOSIDR
EYNGATREGNLNLEENPMNRNSFENDRWYITLDTLTAAQSFYDIKYYKOSIDR
ETPYNFETLNQALNRSYATVGTGEIITYGRTGEPSTTKTLIPESYKSIYVDRQVPT
SPENYFETLNQALNRSYATVGTGEIITYGRTGEPSTTKTLIPESYKSIYVDRQVPT
LPSYNSVSHLSQSLSPENYKYLGYALNLTLYGATGCTSSYNNRNALSDKLTMTIPLA
IKGNSLDTPNSKYIEGSPHTGQNLVLYQSQGRLEITCRTPNSQSTYILRPATNGAGN
TLPLNLTPEVITPQRLNTPSGNTNLTQYGDVPGFPGQSPSTVTLPLNRNLTPLF
NRAVNSNLTILINDKEIETPIYSSVRQNRQKQLETTQTKINLFPNNHAKNNLTENAN
IDID"

```

## ORIGIN

Query Match	100.0%;	Score 2085;	DB 6;	Length 2235;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 1.5e-271;		
Matches 2085; Conservative	0;	Mismatches	0;	Indels 0; Gaps 0;

Oy	1	ATGTGTCAAGGGAAATACCAATATATGCTATTAATTCGAGACATTTGCTAGTGCATATCA	60
Db	151	ATGTGTCAAGGGAAATACCAATATGCTATTAATTCGAGACATTTGCTAGTGCATATCA	210
Oy	61	ATTGTGTGAGTTAGTGCAGATCTATTGTATCCGTACTCTGTTCGCCGTATAGTGGG	120
Db	211	ATTGTGTGAGTTAGTGCAGATCTATTGTATCCGTACTCTGTTCGCCGTATAGTGGG	270
Oy	121	CTCACTTCTAATATCCGGACCGATAGGAATATATAGTGTCTAATATATCTTTTGGTACC	180
Db	271	CTCACTTCTAATATCCGGACCGATAGGAATATATAGTGTCTAATATATCTTTTGGTACC	330
Oy	181	CTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGGAGAACAGACAATAACGATGTGACACAATTTATT	240
Db	331	CTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGGAGAACAGACAATAACGATGTGACACAATTTATT	390
Oy	241	AAATATGGAGAAATTTTGTGTATACCCGTTAACAGAAAGCATMAAACGCTAAAGTTTA	300
Db	391	AAATATGGAGAAATTTTGTGTATACCCGTTAACAGAAAGCATMAAACGCTAAAGTTTA	450
Oy	301	CAAACTTTAGAAAGATTAGACAATATTTTCAAAAGCTTAATATACGCAATTGATGATTTGG	360
Db	451	CAAACTTTAGAAAGATTAGACAATATTTCAAAAGCTTAATATACGCAATTGATGATTTGG	510
Oy	361	AGAAATTTAAAGACTACAGACTCTTGATTTACACATCATCTGCATTTACAACAAGCT	420

D	b	511	AGAAATTA	AAAAAG	CTAAC	AGCCTCG	AGATTAC	ACCATCAT	GCATG	CTTAC	ACACAA	AGCT	570						
Q	y	421	GCCTTG	ACTCTTA	AAATAC	GAATTTG	AGATGTT	CA	CAATG	ATTTAT	TCG	AAATACCT	480						
D	b	571	GCCTTG	ACTCTTA	AAATAC	GAATTTG	AGATGTT	CA	CAATG	ATTTAT	TCG	AAATACCT	630.						
Q	y	481	GGTTT	CCAC	CTG	GAACCTTA	ATTA	AGCTTA	CTAT	CTATT	TATG	CGCAAGCT	540						
D	b	631	GGTTT	CCAC	CTG	GAACCTTA	ATTA	AGCTTA	CTAT	CTATT	TATG	CGCAAGCT	690						
Q	y	541	TTTCAT	TTTAA	ATTATTA	CAACA	CAAGGCT	GAATTTG	CTG	ATG	ATG	AGAAATG	CAATATA	600					
D	b	691	TTTCAT	TTTAA	ATTATTA	CAACA	CAAGGCT	GAATTTG	CTG	ATG	ATG	AGAAATG	CAATATA	750					
Q	y	601	CATCCTT	CA	CAAAATG	GAACCTTA	TGCTG	GAACAT	CAG	ATG	ACTATTA	TAAACCTTT	TAAAA	660					
D	b	751	CATCCTT	CA	CAAAATG	GAACCTTA	TGCTG	GAACAT	CAG	ATG	ACTATTA	TAAACCTTT	TAAAA	810					
Q	y	661	GAAAT	TTACCTTA	ATTTAGT	ACTATTTG	TCG	CAATTC	CTAT	TAG	AGAAAG	CTAAAT	TAA	720					
D	b	811	GAAAT	TTACCTTA	ATTTAGT	ACTATTTG	TCG	CAATTC	CTAT	TAG	AGAAAG	CTAAAT	TAA	870					
Q	y	721	CTTCG	AAACGA	CCCTAT	TATG	AGATG	AGATAT	TTAT	TATG	ATG	CAAG	ATATG	ACT	780				
D	b	871	CTTCG	AAACGA	CCCTAT	TATG	AGATG	AGATAT	TTAT	TATG	ATG	CAAG	ATATG	ACT	930				
Q	y	781	ATTAC	TCTAT	TATG	ATACCTAT	CGCTCA	ATTTCTTTT	TATG	ATAT	TAAAG	ATACAA	AGAT	840					
D	b	931	ATTAC	TCTAT	TATG	ATACCTAT	CGCTCA	ATTTCTTTT	TATG	ATAT	TAAAG	ATACAA	AGAT	990					
Q	y	841	TCAA	TAG	GAAG	AATAG	TGCG	CAATTA	AAAC	CTTA	CA	AG	AAATTTAT	TAC	CTGA	900			
D	b	991	TCAA	TAG	GAAG	AATAG	TGCG	CAATTA	AAAC	CTTA	CA	AG	AAATTTAT	TAC	CTGA	1050			
Q	y	901	ATTA	ATTTG	ACCGTCT	TACTTA	CTTACCT	TGAATTC	AC	CCAT	CTCG	CTAT	TATG	ATG	ATG	AT	960		
D	b	1051	ATTA	ATTTG	ACCGTCT	TACTTA	CTTACCT	TGAATTC	AC	CCAT	CTCG	CTAT	TATG	ATG	ATG	AT	1110		
Q	y	961	AATTA	AC	CGTT	CAGG	CTTAG	ATATTTT	CA	TTTTT	AG	TGA	ACTTA	ATTTT	TAT	TAC	1020		
D	b	1111	AATTA	AC	CGTT	CAGG	CTTAG	ATATTTT	CA	TTTTT	AG	TGA	ACTTA	ATTTT	TAT	TAC	1170		
Q	y	1021	AAAA	ATGA	AAACG	TACG	GAATCGTTT	AGTTG	ATG	TCGA	ATTCG	TAT	TATG	ATG	ATG	ATG	1080		
D	b	1171	AAAA	ATGA	AAACG	TACG	GAATCGTTT	AGTTG	ATG	TCGA	ATTCG	TAT	TATG	ATG	ATG	ATG	1230		
Q	y	1081	GCT	AC	CG	AC	GGA	ATCTG	AA	TTTAT	TATG	AG	AA	GA	GA	GA	1140		
D	b	1231	GCT	AC	CG	AC	GGA	ATCTG	AA	TTTAT	TATG	AG	AA	GA	GA	GA	1290		
Q	y	1141	TTAT	TAT	CA	ATTTG	GAATCCTAT	TAAAGTTT	CA	ATTG	TAC	TG	TAG	CA	AG	TAT	CT	1200	
D	b	1291	TTAT	TAT	CA	ATTTG	GAATCCTAT	TAAAGTTT	CA	ATTG	TAC	TG	TAG	CA	AG	TAT	CT	1350	
Q	y	1201	TC	CCCTTT	CT	CA	CAT	ATACCTT	TAC	ATTA	CA	ATTTG	AT	TAA	TAT	T	CA	1260	
D	b	1351	TC	CCCTTT	CT	CA	CAT	ATACCTT	TAC	ATTA	CA	ATTTG	AT	TAA	TAT	T	CA	1410	
Q	y	1261	CT	TAT	GA	TAT	AA	TATTA	CA	TATTT	CA	GCTG	GGG	GA	ATTTAT	TAT	TAT	1320	
D	b	1411	CT	TAT	GA	TAT	AA	TATTA	CA	TATTT	CA	GCTG	GGG	GA	ATTTAT	TAT	TAT	1470	
Q	y	1321	GAT	TTT	CA	ATTTT	CG	TAT	AAAA	AA	GA	CTG	TAT	AA	CA	AT	TAT	TAT	1380
D	b	1471	GAT	TTT	CA	ATTTT	CG	TAT	AAAA	AA	GA	CTG	TAT	AA	CA	AT	TAT	TAT	1530
Q	y	1381	AG	CT	TAT	AA	TAT	GA	TAT										



QY 1501 AATAGAAATATGCAATATGATTAATAATTAACAATGATCCGAGCAATCAAAGGTAC 1560  
| | | | |  
DB 1651 AATAGAAATATGCAATATGATTAATAATTAACAATGATCCGAGCAATCAAAGGTAC 1710  
| | | | |  
QY 1561 AGCTTGATGCAACCTTAAGATTAATGAGAGCCTGCTCATACAGAGAAACTTGTT 1620  
| | | | |  
DB 1711 AGCTTGATGCAACCTTAAGATTAATGAGAGCCTGCTCATACAGAGAAACTTGTT 1770  
| | | | |  
QY 1621 TATTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTACATGTAAGAACTCTTAATCTACACATCT 1680  
| | | | |  
DB 1771 TATTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTACATGTAAGAACTCTTAATCTACACATCT 1830  
| | | | |  
QY 1681 TATTACATGACTTGATAGCTGATCAAAATGCTGAGAAATCTCTTCTTAATATATCT 1740  
| | | | |  
DB 1831 TATTACATGACTTGATAGCTGATCAAAATGCTGAGAAATCTCTTCTTAATATATCT 1890  
| | | | |  
QY 1741 CTTCACATACAGAGATTAATGAGAAATCACTCAAGACTCAACAACATTTTCTGCT 1800  
| | | | |  
DB 1891 CTTCACATACAGAGATTAATGAGAAATCACTCAAGACTCAACAACATTTTCTGCT 1950  
| | | | |  
QY 1801 ACAATATATATATATTAATTAACAATCGAGATTTGGGATTTCCAAATTCAGAGTAC 1860  
| | | | |  
DB 1951 ACAATATATATATATTAATTAACAATCGAGATTTGGGATTTCCAAATTCAGAGTAC 2010  
| | | | |  
QY 1861 ACAATATCTTTAAATCGAAACATACATTAATTAATCGAGATTAATCAATTTCA 1920  
| | | | |  
DB 2011 ACAATATCTTTAAATCGAAACATACATTAATTAATCGAGATTAATCAATTTCA 2070  
| | | | |  
QY 1921 AATTTATCATGATTAATTAATGATTAATTAATCAATTTCTCTCTGAGCCCAAAATGA 1980  
| | | | |  
DB 2071 AATTTATCATGATTAATTAATGATTAATTAATCAATTTCTCTCTGAGCCCAAAATGA 2130  
| | | | |  
QY 1981 GAAAAACAAAAATTAAGAACTATCCAAACAAAAATAATTAATCATTTTCACAAAATCATACA 2040  
| | | | |  
DB 2131 GAAAAACAAAAATTAAGAACTATCCAAACAAAAATAATTAATCATTTTCACAAAATCATACA 2190  
| | | | |  
QY 2041 AAAAAATCTTTAAATTAATTAAGAAAGCCAAACTATGATTAATTAATTA 2085  
| | | | |  
DB 2191 AAAAAATCTTTAAATTAATTAAGAAAGCCAAACTATGATTAATTAATTA 2235  
| | | | |  
RESULT 3  
CQ868305 2208 bp DNA linear PAT 13-SEP-2004  
LOCUS CQ868305  
DEFINITION Sequence 6 from Patent WO2004074462.  
ACCESSION CQ868305  
VERSION CQ868305.1 GI:51998351  
KEYWORDS  
SOURCE  
ORGANISM  
Bacillus thuringiensis  
Bacillus thuringiensis  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus  
cereus group.  
REFERENCE  
1 Carozzi,N., Hargies,T., Koziel,M.G., Duck,N.B. and Carr,B.  
Delta-endotoxin genes and methods for their use  
Patent: WO 2004074462-A 6 02-SEP-2004;  
Athenix Corporation (US)  
FEATURES  
source  
1..2208  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="unassigned DNA"  
/db\_xref="taxon:1428"  
1..2208  
/note="unassigned protein product"  
/codon\_start=1  
/protein\_id="CAH3948.1"  
/db\_xref="GI:51998352"  
/translation="MNQNDNNNEYEIIIDSHSPYFVRNSNDSPYTNPNPLONT  
NYKEMLMCOGNTQYGDNPETPASADITIAVSAGTIYSGLIGISLISPIGII  
GATISGDTLITFYFWPAGSDKTYWTFPIWGEI FVDPTPTESIKQIKQLTGLGFRDI  
LOSINLALDWRKRLKRLQAPGLPPSSALQQAALTLKIRFNVDHNDPIREIPGQLETTY

## ORIGIN

Query Match 86.1%; Score 1794.4; DB 6; Length 2208;  
Best Local Similarity 92.7%; Pred. No. 1.9e-232;  
Matches 1908; Conservative 0; Mismatches 141; Indels 9; Gaps 2;

QY 1 ANGTGCAAGGGAATACAAATATGATTAATTTGCAACAATTTGCTAGTGTGATACA 60  
| | | | |  
DB 154 ATGTGCAAGGGAATACAAATATGATTAATTTGCAACAATTTGCTAGTGTGATACA 213  
| | | | |  
QY 61 ATGTGCAAGTATAGTCAAGTATATTTATCCGATCTCTGTTAGCCGATATAGGTGG 120  
| | | | |  
DB 214 ATGTGCAAGTATAGTCAAGTATATTTATCCGATCTCTGTTAGCCGATATAGGTGG 273  
| | | | |  
QY 121 CTGACTTCTATATCCGAGATAGGAATTAATGATTAATTAATTTGTTGTTAGC 180  
| | | | |  
DB 274 CTGACTTCTATATCCGAGATAGGAATTAATGATTAATTAATTTGTTGTTAGC 333  
| | | | |  
QY 181 CTGACTGCTCTTTGGCCGCGGGAACAACAACAAGTATGACACAAATTTAT 240  
| | | | |  
DB 334 CTGACTGCTCTTTGGCCGCGGGAACAACAACAAGTATGACACAAATTTAT 393  
| | | | |  
QY 241 AAAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACGAAGAATTAACAAGCTAAAGTTA 300  
| | | | |  
DB 394 AAAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACGAAGAATTAACAAGCTAAAGTTA 453  
| | | | |  
QY 301 CAAACTTTGGAAGATTTGACAAATTTACAAAGCTATTAATACAGATTAATGATTTGG 360  
| | | | |  
DB 454 CAAACTTTGGAAGATTTGACAAATTTACAAAGCTATTAATACAGATTAATGATTTGG 513  
| | | | |  
QY 361 AGAAATTTAAAAAGATCAACAAGCTCTGATTAACACACATCATCAATTAACAAGCT 420  
| | | | |  
DB 514 AGAAATTTAAAAAGATCAACAAGCTCTGATTAACACACATCATCAATTAACAAGCT 573  
| | | | |  
QY 421 GCCTTGACTTTAAATACAGATTTGGAATGTTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480  
| | | | |  
DB 574 GCCTTGACTTTAAATACAGATTTGGAATGTTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 633  
| | | | |  
QY 481 GGTTCGAACTTGAACTTATTAACGCTATTTCTATTTATTCGCGAAGCTGCTAAT 540  
| | | | |  
DB 634 GGTTCGAACTTGAACTTATTAACGCTATTTCTATTTATTCGCGAAGCTGCTAAT 693  
| | | | |  
QY 541 TTTGATTTAAATTTATTAACAAGGTCGATGATGCTGATGAAGAATGGAATGCAATTA 600  
| | | | |  
DB 694 TTTGATTTAAATTTATTAACAAGGTCGATGATGCTGATGAAGAATGGAATGCAATTA 753  
| | | | |  
QY 601 CATCTTCACAAAATTAATGCTATGCAAGCTGCAATCATGATGATTAATTAATTAATTA 660  
| | | | |  
DB 754 CATCTTCACAAAATTAATGCTATGCAAGCTGCAATCATGATGATTAATTAATTAATTA 813  
| | | | |  
QY 661 GAAATATATCTTAATATATGTAATCTATTGCAAAATACCTATTAAGAGAGACTAAATTA 720  
| | | | |  
DB 814 GAAATATATCTTAATATATGTAATCTATTGCAAAATACCTATTAAGAGAGACTAAATTA 873  
| | | | |  
QY 721 CTTCGAAAGGAACTTAATGATGATGATTAATTAAGATTAATGATTAATGATTAATGAT 780  
| | | | |  
DB 874 CTTCGAAAGGAACTTAATGATGATGATTAATTAAGATTAATGATTAATGATTAATGAT 933  
| | | | |  
QY 781 ATTACGTATATGATATCTATGCTCAATTTTCTTTATATGATTAATTAAGATTAATGAT 840  
| | | | |  
DB 934 ATTACGTATATGATATCTATGCTCAATTTTCTTTATATGATTAATTAAGATTAATGAT 993  
| | | | |  
QY 841 TCATATGGAAGATAG-----GTGCAATTTAAACTGAACCTTAACAAGAAATTTTATACA 894  
| | | | |

Db 994 TCATAGAGGAGATGAGTAAAGCATTAAGTAAGTAACACAGAGAAATTTATACA 1053  
 Qy 895 ACCTAAATTAATTTGACCGCTTAATCTTAAGAAATCCCAATCGCTATATAG 954  
 Db 1054 ACTGAAATTAATTTGATGCTTCCTCACTAGAGTTCAACCAATCTAGTCAGT 1113  
 Qy 955 GAATATTAATTTAGACGCTTACGGCTGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACTATATTT 1014  
 Db 1114 GAATATTAATTTAGACGCTGACGATTTTAAATTTTCAATTTTATGACAACTTATTTT 1173  
 Qy 1015 TATACAAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTAGTGGTATGCGAATGTAATGATCT 1074  
 Db 1174 TATACAAAAATGAAATTCGGGAATCGTTAGTGGTATGCGAATGTAATGATCT 1233  
 Qy 1075 ACTATGCTAGACAGACGTAAGTAATTTATATGAGAAAGACGCTCCACCAACA 1134  
 Db 1234 ACTATGCAATTAATTAATTAATTTATATGAGAAAGACGCTCCACCAACA 1293  
 Qy 1135 AAACTTAATTAATTAATTTATTAATTTCAATTTGATGATGACGATGAACT 1194  
 Db 1294 AAAACATTAATTAATTTGATGATTTTAAATTTCAATTTGATGATGAACT 1353  
 Qy 1195 CCTATCTCCCTTTCTTACATTAATTTCAATTAATTAATTTTATTTAAT 1254  
 Db 1354 CCTGTTCCCTATTC--AACCACTTATTAATTAATTAATTTTATTTAAT 1410  
 Qy 1255 AATTCATTAATTAATTAATTTCAATTTGATGAGGGAATTTATCTAATGATTAATA 1314  
 Db 1411 GGCATCTTAACCACTCAATTAATTTGACAGAGAGGCTTTATCTAATTAATTAATA 1470  
 Qy 1315 ACACTGATTTCAATTTCTGTAATAAAGACGTAACCAATTAATTAATTTAATTT 1374  
 Db 1471 ACACTTTTTCATTTCTGTAATAAAGACGTAATTAATTTAATTTAATTTAATTT 1530  
 Qy 1375 TTACCAAGCTAATTAATTAATTTATTTATTTTCCAGTTTCTTATTTAATTTTCC 1434  
 Db 1531 TCACCAACTTAATTAATTAATTTATTTATTTTCCAGTTTCTTATTTAATTTTCC 1590  
 Qy 1435 TATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1494  
 Db 1591 TATGATTTGATTAATTTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1650  
 Qy 1495 AGTGTATTAATTAATTTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1554  
 Db 1651 AGTGTATTAATTTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1710  
 Qy 1555 GGTAAAGCTTTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1614  
 Db 1711 GGTAAAGCTTTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1770  
 Qy 1615 TTGCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1674  
 Db 1771 TTGCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1830  
 Qy 1675 CAATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1734  
 Db 1831 CAATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1890  
 Qy 1735 ATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1794  
 Db 1891 ATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1950  
 Qy 1795 TCTGCTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1854  
 Db 1951 TCTGCTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2010  
 Qy 1855 ACATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1914  
 Db 2011 ACATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2070  
 Qy 1915 AATTCATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1974  
 Db 2071 AATTCATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2130

Qy 1975 AATGAGAAAAACAAATTTAGAACTATCCAAACAAATTAATTAATTTTCCAAAT 2034  
 Db 2131 AATGAGAAAAACAAATTTAGAACTATCCAAACAAATTAATTAATTTTCCAAAT 2190  
 Qy 2035 CATACAAAAATTAATTTA 2052  
 Db 2191 CATACAAAAACATTTGA 2208  
 RESULT 4  
 BTXOD1 3543 bp DNA linear BCT 18-APR-2005  
 LOCUS Bacillus thuringiensis gene for 130 kDa delta-endotoxin.  
 DEFINITION  
 ACCESSION Y00423.1 GI:40351  
 VERSION Y00423.1 GI:40351  
 KEYWORDS delta-endotoxin; endotoxin.  
 SOURCE Bacillus thuringiensis  
 ORGANISM Bacillus thuringiensis  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
 1 (bases 1 to 3543)  
 AUTHORS Ward, E.S. and Ellar, D.J.  
 TITLE Nucleotide sequence of a *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* gene encoding a 130 kDa delta-endotoxin  
 JOURNAL Nucleic Acids Res. 15 (17), 7195 (1987)  
 PUBMED 2821500  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 3543)  
 WARD, E.S.  
 DIRECT SUBMISSION  
 TITLE Submitted (11-MAY-1987) Ward E.S., University of Cambridge, Department of Biochemistry, University of Cambridge, Tennis Court Rd., Cambridge CB2 1QW  
 COMMENT \*strain=var.*israelensis*;  
 location/Qualifiers  
 1. 3543  
 /organism="Bacillus thuringiensis"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /db\_xref="taxon:1428"  
 1. 3543  
 /note="unnamed protein product; endotoxin (AA 1-1180)"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=1  
 /protein\_id="C0A68485.1"  
 /db\_xref="GOA:P16480"  
 /db\_xref="UniProt/Swiss-Prot:P16480"  
 /translation="MNPYQNKREYETLNASOKLINSNTTRYPIKNSPOLQSTNYKDWLMQCOQVGDPEPRIDSGELSAVTIVGTUTLGGFTPLGALIGFTLIPVLPADQDSNTSDFTIYQNTLILKEGLASTIISANKILRSFVISTYHNHKTWENNPENQNTQDVRTOQLVHYHFOVYIPELVNSCPNPDCDYNTLVLSYAQAANLHLTVNQAQVAFKAYLKNRQPDYLEPLPAIDVYLPVLAIEDYNTVCVITYKGLNLKTTPESSNDGNINNTYNTYRKTMTALVDVYALFPNDVGVPIGVOSELRELYOVLNPESSPYKTYDFOYQEDSLTRPHLFTWLSINLYEKAQTPNPPEFTSHVMFHYTLNIGKSSVPENHNTDCKSLGLATNLYIFLAVNTISDKTYLNDNNISKNDPFTTNGTRLEKSLTNGSGQITTDVKNKIFGLERKREQNPFLPYTDNTHLSLFTKSLSIDPATKYQVYTPATWSSVDPKTITYLHTLTQIDPAAVANSIGTASKVVQAGHGAGDGLIDFQDKRITICQHSNFOQSFEIRIRVANSNSANTRAVINLSIPVANSKQAGNFTFGTDYNTLKYDFOYLEFSENVKFAFNQNI SLVFNRSQVYNTTVLIDKEFLPIRSIRLEDKQKLETFVOOIIINFVYANPIKNTLOSLELTDVIDDOANIVACISIEELPYREKMLLIDVYKAKQKLSQSNVYQNGDFBSATIGRTSDNITIQEDDPYFKHGLYHSGARDIDGITPYTIFQKIDSKLKYRKYLVRFVSSKQVSLVSRYSGLIDANINVPADLNTLYPSTFPCBSNRCETSAPVANTGNTSDMYSQYDQKGVVQSDSHQSPFTIDTGLADNTNENGVWMPFISLSPDYASLDNLEVEBEGIDEALSRVHEMKKXNDQWEARSETQOADVAKQALIDALFTVQDEBALDFTTLQAOIYAEALVQSI PYVYMDLSDVGMNDIYELDARVAQARYLDIRITIKNGFTQGVWMTGNADVOOIGSVLYVLSNMGAGVQNVHLQNHNGYVLGYLAKKEGPNQYVTLDMENQKLLFTSCBEBYIRKTVDFPPTDVRLEIGTESFYLESILICME"  
 919  
 /note="g was a in [1]"  
 /citation=[2]  
 922  
 old\_sequence  
 old\_sequence



/clone="pBSH4"  
/plasmid="pBRI-5 and pBRI-6"  
/note="976 bp downstream of HindIII site"  
381..385  
/note="Shine-Dalgarno sequence"  
393..3935  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="130 kDa insecticidal protein (ISRH4)"  
/protein\_id="BA00179.1"  
/db\_xref="GI:216290"

/translation="MNPYONKREYETLINAQKLNISNNRYPIENSFKLOSTNY  
KDLMLCQNOQYGEDEFIDSGELSAIVGVGVFTPLIGLIGLSTLIP  
VLPAPODSNDSPIOTKNI IKKILASTYINANKLNENFVITGYHNLMTWEN  
NPNQDPTQTOIYVHYRONYIPBELNSCPNBPDCDYNNILVUSYQANLIL  
TVLNOAVKFAVYLNKROFDYLEPLPMDIDYPLVTKAIEDYINLCVTTKGNLILK  
TPDSNLNNGINNNNTYNTKMTAVLDIALPVPNDVGRYPGVQSELRELYOVL  
NFESPKYKDYFOYQEDSLTRPHLFTMLSLNFEYKAQTPNNPFTSHVMFYTLID  
NISQSSVFGNHYTDKLSGLATNIIYIFLANTISLNDKLNINNISSKDPFTING  
TRLEKELTAGSGOITDYDNKINFGILPKRKNQGNPLFPYDYSILSFKSLS  
IPATYKVOVTPFAHSSVDPKNTIYHLTQIPAYVANSIGTSKVVQSGHGTGSL  
IDYKHFRTIQSHNFQOSYFIRIRVANSANTRAVINLSIPVAELGMALNFTFG  
TDYTNLKYKDFQYLEFSENVKFAPNQNLISLVNRSDVYNTVTLIDIKI EPLRISLR  
EDREKQKLETVQOQIINTPYANPIKNTLQSELTDYDIDQANLVLCISBELPKERML  
LDEYKNAKOLISOSRNLONGDFESATLGMTSDNITIOEDPIFKGHYLSHESGARDID  
GLTPEYIFOKIDSKLKYRIRVLRGVSSKDELVELVSGSEIDAIMNVPADLNY  
LYSTPDCBSNRCETSAVPANIGNTSMYSCQYDGRKRVVQDSHNSPFTIDTA  
LDINENIGVWVWFKISSPDGYASLDNLEVEEPIIDGALSRYVHMEKMDQNEAKR  
SETQADVAQAIDALFTYVNDALQFDITLQAIQYAEVYVQSIPIYVNDMLDVS  
MNYDIYELDKARVAQARYLXDTNRIKNGDPTQGMWHTVADVOOINDGVSLVLS  
NMSGVSONVHLQHNHGVLRVLAKESEPGNYVTLMDCEENQKQLFTSCSEGVYIK  
TVDFPPTDRIRIEIGTESFYIESIELICMNE"

## ORIGIN

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 4253;  
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4.5e-36;  
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;  
QY 499 TATATAACGCTATTACTATCTATTATTCGGCAGCTGCTAATTTTCATTAAATTATTA 558  
DB 996 TATATAACGCTATTACTATCTATTATTCGGCAGCTGCTAATTTTCATTAAATTATTA 1055  
QY 559 CAACAGGCTGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 618  
DB 1056 AATCAAGCCCTCAATTTGAAGCGTATTTAAAAACAATCGACAACTGATTTATTAAG 1115  
QY 619 CCTAATGCTGACATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 678  
DB 1116 CCTTGGC--ACGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1172  
QY 679 AGTAACTATTGTCGAATACCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 738  
DB 1173 ACTAATATTGTCGAATACCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1232  
QY 739 ATGAGATGAGATATTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 798  
DB 1233 AGTAACTATTGTCGAATACCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1292  
QY 799 ATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATCAAGATTCAGATGAGAGAGATAGT 858  
DB 1293 ACTGCTGATTAAGATCTTGTGCACTCTTCTTAATTAAGATTAAGATTAATTCATA 1352  
QY 859 GGCATTAAACTGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTTGAACCGCTTT 918  
DB 1353 GGTGTCATCTGAACCTTACAGAGAAATTTAT--CAAGTACTTAATCTTCGAAGA 1405  
QY 919 ACTTACCTTGAATTCACCAATCTCGCTAATGATATTAATTTTAAACAGTTCAGG 978  
DB 1406 AAGCCCTTAATTAATTAAGACTTCAATACAGAGATTCATTAACGTAAGACGCA 1465  
QY 979 CTATGATTAATTTTCAATTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1038  
DB 1466 TTTATTTACTTGGCTTGAATCTTTGATTAATTTTAAAGGCAAACTACTCTTAATTA 1525

QY 1039 AATGTTAGTGGTATTCGAATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACAGAACTGA 1097  
DB 1526 TTTTTCACAGCACTTATATATATGTTTTCATTACACCTGATATATATCCAAAATC 1585  
QY 1098 AATTATATGAG 1157  
DB 1586 TAGTGTTTTGGAAATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1645  
QY 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1217  
DB 1646 TATTATATTTTATTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1705  
QY 1218 ATACTTACATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1277  
DB 1706 TAAATATGTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1765  
QY 1278 ATATTGAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAACAATGATTTCAATTCCTGT 1337  
DB 1766 TAGAGAGAGATCTGGGGAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1825  
QY 1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTTAATCCAAATTTGTACCAAGCTATATAGTTATG 1397  
DB 1826 TCTTAAACGAGAGAGATCAAGAGAAACCTTACCCTTTTCCAAATATGATTAATGATGATGAT 1885  
QY 1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTATTTAATTAATTTCCATTAATAATGATGATGATGATGATGAT 1457  
DB 1886 TCATATTTTATCTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1930  
QY 1458 TATATTTATACAGTGCATTTAG 1517  
DB 1931 TAAATCTCAAGTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1990  
QY 1518 ATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1577  
DB 1991 TTATACATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2050  
QY 1578 TAAAGTATTAAG 1637  
DB 2051 TAAAGTATTAAG 2107  
QY 1638 GCGTTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1697  
DB 2108 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2164  
QY 1698 ATACGCTAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1757  
DB 2165 TTATGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2224  
QY 1758 AATGAGATTAACACCTGACAG 1817  
DB 2225 AGCAGAACTG--GATAGGACCTCAACCCCACTTTTCTGTAAGAGATTAATTAATTAATTAAT 2281  
QY 1818 ACATTAAGAGATTTTGGGTATTTTCAATTTTCAAGTACAGTAACTATTAATTAATTAATTAAT 1877  
DB 2282 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2341  
QY 1878 AAACATTAACATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1934  
DB 2342 AAACATTAACATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2401  
QY 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1994  
DB 2402 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2461  
QY 1995 AGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2054  
DB 2462 AGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2521  
QY 2055 TATGAAGCCCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2085  
DB 2522 ATCAAGAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2552

RESULT 6  
LOCUS 108083 4451 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994  
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0296870.  
ACCESSION 108083  
VERSION 108083.1 GI:589204  
KEYWORDS  
SOURCE  
ORGANISM  
REFERENCE  
AUTHORS  
TITLE  
JOURNAL  
FEATURES  
source  
1.4451  
/organism="unknown"  
/mol\_type="unassigned DNA"

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 6; Length 4451;  
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4.4e-36;  
Matches 856; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;

QY 499 TATPAAAAGCTATTAATCTATTAATGCGAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTA 558  
Db 1494 TATPACATACATGATATTAATCTAGTTATGACACAGCAACAACTTACATCTGATTTA 1553  
QY 559 CAACAGAGTCTGAATTTGGCTGATGATGAAATGCAATATACCTCTTCAAAATTGAA 618  
Db 1554 AATCAACCCGCTCAAAATTGAAAGCGTATTTAAAAACAATGACATTCGATTTATTAGAG 1613  
QY 619 CCTAATGCTGGAACATGATGATGATTAATTAATTTTAAAGAAATATTAATCTAATAT 678  
Db 1614 CTTTGGC---AACGCAATTGATTAATTAATTCAGTATTTGACTTAAGCTTAATGAAGATTAC 1670  
QY 679 AGTAATATTTGTGCAAACTTATAGAGAGAACTAATTAATTAATCTTCAAGAACTAAT 738  
Db 1671 ACTAATATTTGTGTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1730  
QY 739 ATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACTAATTAATCTGATTAATGAT 798  
Db 1731 AGTAATCTGATGAAATATTAATTAATGCAACATACATACATCGTATCGAACAATAATGACT 1790  
QY 799 ATGCGTAATTTCTTTTATGATATTAAGATATCAAGATTCATATAGAGAAATAGT 858  
Db 1791 ACTGCTATTAATGATGTTGTTGCACTCTTCTTAATTAATGATGATGATTAATTAATTA 1850  
QY 859 GGCAATTAAGCTGAACCTTACAGAGAAATTTATCAACTGAATTAATTTTGAACCTCTT 918  
Db 1851 GGATGCAATCTGAACCTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTTCAAGAA 1903  
QY 919 ACTTACCTTGAATTAACCAATCTCGCTAATTAATGAAATTAATTTAAACAGCTTCAAGG 978  
Db 1904 AAGCCCTTAATTAATTAATGATCTTCAATATCAAGAGATTCACCTTACAGTGAACGCA 1963  
QY 979 CTAGATTAATTTCAATTTTATGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2038  
Db 1964 TTTATTTACTTGGCTTATATCTTTGAATTTTATGAATAAGCGCAAACTACTCTAATTA 2023  
QY 1039 AATCGTTAGTTGCTATTTGCAATCTAATAGATCTAAT-ATGCTACGACAGGAATCGA 1097  
Db 2024 TTTTTCACAGCAATATTAATATGTTTCAATTAACAGCTGATTAATTAATTAATTAATTA 2083  
QY 1098 AATTAATTAATGAGAAAGAAAGAGTCCACCCACAAACAAATCTTAAATACATTTGATC 1157  
Db 2084 TAGGTTTGTGGAATCAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2143  
QY 1158 CTATAAGTTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1217  
Db 2144 TATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2203

QY 1218 ATACTTAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1277  
Db 2204 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2263  
QY 1278 ATATTGAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1337  
Db 2264 TACAGAGATCTGGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2323  
QY 1338 AAAAAAGACTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1397  
Db 2324 TCTTAACAGAGAGAAATCAAGAAACCTTACCTTTTCCAACTAATTAATTAATTAATTA 2383  
QY 1398 TCATATTTTATCCAGATTTCTTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1457  
Db 2384 TCATATTTTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2428  
QY 1458 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1517  
Db 2429 TAAATCTCAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2488  
QY 1518 ATCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1577  
Db 2489 TTAATCAATTTTACTTACCAATTTCACTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2548  
QY 1578 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1637  
Db 2549 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2605  
QY 1638 GCGTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1697  
Db 2606 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2662  
QY 1698 ATACGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1757  
Db 2663 TTAATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2722  
QY 1758 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1817  
Db 2723 AGCAGAACTG---GATGAGCACTCAACCCACTTTTCTGATGATTAATTAATTAATTAAT 2779  
QY 1818 ACAATTCGAGATTTTGGGATTTTCAATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1877  
Db 2780 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2839  
QY 1878 AATCATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1934  
Db 2840 AATCATTAATCTTGTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2899  
QY 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1994  
Db 2900 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2959  
QY 1995 AGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2054  
Db 2960 AGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3019  
QY 2055 TATTAAGGCACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085  
Db 3020 ATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3050

RESULT 7  
LOCUS 109103 4451 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994  
DEFINITION Sequence 1 from Patent WO 8810305.  
ACCESSION 109103  
VERSION 109103.1 GI:588188  
KEYWORDS  
SOURCE  
ORGANISM  
REFERENCE  
1 (bases 1 to 4451)

AUTHORS Eilar,D.J. and Ward,E.S.  
JOURNAL Patent: WO 8810305-A 1 29-DEC-1988;  
FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..4451  
/organism="unknown"  
/mol\_type="unassigned DNA"

## ORIGIN

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 6; Length 4451;  
Best Local Similarity 53.9%; Pred.No.4.4e-36;  
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;

499 TATATAACGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAATTTCTATTAAATTTATTA 558  
1494 TATATAACGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAATTTCTATTAAATTTATTA 1553  
559 CAACAGCTGCTGAATGGCTGATGATGAAATGCAATATACCTCTTCAAAATTTGAA 618  
1554 AATCAAGCTGCTGAATGGCTGATGATGAAATGCAATATACCTCTTCAAAATTTGAG 1613  
619 CCTAATGCTGCAATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 678  
1614 CCTTGGCC--AACGCAATGATTTATTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1670  
679 AGTAACCTATTGCAATATACCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 738  
1671 ACTAATTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1730  
739 ATGAGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 798  
1731 AGTATCTGATGAG 1790  
799 ATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 858  
1791 ACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1850  
859 GGCATTAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 918  
1851 GGTGCTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1903  
919 ACTTACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 978  
1904 AAGCCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1963  
979 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1038  
1964 TTATATTTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2023  
1039 AATGCTTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1097  
2024 TTTTTCACGAGCATTATATATTTCTTTCATTCACCTTGATATATATCCCAAAATC 2083  
1098 AATTATATATGAG 1157  
2084 TAGGTTTGTGGAATTCACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2143  
1158 CTATTAAGTTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1217  
2144 TATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2203  
1218 ATATCTTCAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1277  
2204 TATATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2263  
1278 ATATCTGATGAG 1337  
2264 TACAGCAGATCTGGCAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2323  
1338 AAAAAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1397  
2324 TCTTAAACGAG 2383  
1398 TCATATTTATCCAGTTTCTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1457

2384 TCATATTTATCCAGTTTCTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2428  
1458 TATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1517  
2429 TAAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2488  
1518 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1577  
2489 TTATATCATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2548  
1578 TAAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1637  
2549 TAAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2605  
1638 GCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1697  
2606 ---TTTCAAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2662  
1698 ATAGCTTCAAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1757  
2663 TTATGCTTCAAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2722  
1758 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1817  
2723 AGCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2779  
1818 ACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1877  
2780 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2839  
1878 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1934  
2840 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2899  
1935 TAAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1994  
2900 TAAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2959  
1995 AGAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2054  
2960 AGAATCTCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3019  
2055 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2085  
3020 ATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3050

RESULT 8  
LOCUS E01676 4934 bp DNA linear PAT 29-SEP-1997  
DEFINITION DNA sequence encoding Bacillus thuringiensis insectivorous protein.  
ACCESSION E01676  
VERSION E01676.1 GI:2169929  
KEYWORDS JP 1988230090-A/1.  
SOURCE Bacillus thuringiensis  
ORGANISM Bacillus thuringiensis  
cereus group.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 4934)  
Komano,T. and Himeno,M.  
INSECTICIDAL PROTEIN OF STRAIN BACILLUS THURINGIENSIS VAR  
PATENT: JP 1988230090-A 1 26-SEP-1988;  
SUMITOMO CHEM CO LTD  
OS Bacillus thuringiensis  
PN JP 1988230090-A/1  
PD 26-SEP-1988  
PF 19-MAR-1987 JP 1987066844  
PI KOMANO TORU, HIMENO MICHIO  
PC C12N15/00,A01N63/00,C12N1/20,C12P21/02//A01N63/02,(C12N1/20,  
C12N1/19);  
CC strandedness: Double;  
topology: Linear;



CC hypothetical: No;  
 CC anti-sense: No;  
 \*source: strain=HD522;  
 FH Key Location/Qualifiers  
 FT 5'UTR 621..1368  
 FT CDS 1369..4911  
 FT /product='Bacillus thuringiensis insectivorus  
 FT protein'  
 FT Location/Qualifiers  
 1..4934  
 /organism='Bacillus thuringiensis'  
 /mol\_type='genomic DNA'  
 /db\_xref='taxon:1428'

## ORIGIN

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 6; Length 4934;  
 Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4.3e-36;  
 Matches 856; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;

QY 499 TATATAACGCTATTACTACCTATTATGCGCAGCTCTAATTTTCATTAAATTTATTA 558  
 Db 1972 TATATACTACTAGATATATCTAGTTATGCAACAGCAAACTTACATCTGACTGATTA 2031  
 QY 559 CAACAAGTCTGAATTTGCTGATGAAATGGAATGCAATATACCTCTTCAAAATTGAA 618  
 Db 2032 AATCAACCGCTCAAAATTTGAAGCTATTAAAAACAATCGACAAATTCGATTAATTAG 2091  
 QY 619 CCTAATCTGGAACATGATGATGATTAATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAAATAT 678  
 Db 2092 CCTTGGC---MACGAAATGATTAATTAATTCAGTATTAAGCTTAATGAAGATTAC 2148  
 QY 679 AGTAATATTGTGCAAAATACCTATAGAAAGACTAAATAACTTCGAAACGAACCTAAT 738  
 Db 2149 ACTAATATTGTGTAACAATTATAAAAAGATTAAATTAATTAAGAAGCCGAT 2208  
 QY 739 ATGAGATGAGATATTATTAATGATTAATGCAAGATATATGACTATTCTGATTAATGAT 798  
 Db 2209 AGTAATCTGATGAAATATTAATTAACCTGAAACATACATATGATCGAACAATAATGAT 2268  
 QY 799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGATACAAGATCAATAGAAAGATAGT 858  
 Db 2269 ACTGCTGATTAATCTTTGTCACCTCTTCTTAATTAATGATAGTAATATCCAAATA 2328  
 QY 859 GGCAATTAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATCAACCTGAATTAATTTGACCCGCTT 918  
 Db 2329 GGATGCAATCTGAACCTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTCGAAGA 2381  
 QY 919 ACTTACCTTGAATTCACCAATCTCGCTATTAATGAAATTAATTTAACAAGCTTCAAGG 978  
 Db 2382 AAGCCCTATATTAATTAATGACTTCAATATCAAGAGATTCCTTAACGATAGACCGCA 2441  
 QY 979 CTAGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACCTATATTTTATCAAAAAATGAAGSTACGG 1038  
 Db 2442 TTTATTTTACTGCTGATTTCTTTGAATTTTATGAAGAAAGCGCAACTCTCTAATTA 2501  
 QY 1039 AATCGTTAGTGTATGCAATCGTAATAGATCTAATT-ATGCTACGACAGAACTGA 1097  
 Db 2502 TTTTTCACAGCATATATATATGTTTCAATTCACACTGATATATATCCAAAATC 2561  
 QY 1098 AATTAATATGAGAAAGAAACAGTCCACCAACAACAAAATTTAATACCATTGATC 1157  
 Db 2562 TAGGTGTTTGGAAATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2621  
 QY 1158 CTATAAAGTTCAATGATGATGATAGACAGTAATCCACTCCCTTTTCTAATCAT 1217  
 Db 2622 TATTTATATTTTATTAATATGCAATAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2681  
 QY 1218 ATACTTACATTAATCAAAATTTGAATTTTATTAATTAATTTTCACTGATATATTAAC 1277  
 Db 2682 TAATATTATTAATTAATGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2741  
 QY 1278 ATATTCAGCTGGGGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1337

Db 2742 TACAGAGATCTGGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGGGTTACCAAT 2801  
 QY 1338 AAAAAAGACTGAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1397  
 Db 2802 TCTTAACGAGAGAAATCAAGAAACCTTACCTTTTTCACAAATTAATTAATTAATTA 2861  
 QY 1398 TCATATTTTATCCCAATTTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1457  
 Db 2862 TCATATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2906  
 QY 1458 TATATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1517  
 Db 2907 TAAACTCAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2966  
 QY 1518 ATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1577  
 Db 2967 TTTATCAATTTTACTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3026  
 QY 1578 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1637  
 Db 3027 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3083  
 QY 1638 GCGTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1697  
 Db 3084 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3140  
 QY 1698 ATAGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1757  
 Db 3141 TTTATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3200  
 QY 1758 AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1817  
 Db 3201 AGCAAGAACTG---GATAGCACTCAACCCCACTTTTCTGATGATTAATTAATTAATTA 3257  
 QY 1818 ACAATTCGAGATTTTGGTATTTTCAATTTTCAAGTACAGTAATTAATTAATTAATTA 1877  
 Db 3258 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3317  
 QY 1878 AATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1934  
 Db 3318 AATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3377  
 QY 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1994  
 Db 3378 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3437  
 QY 1995 AGAACTATTCAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2054  
 Db 3438 AGAACTATTCAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3497  
 QY 2055 TATAGAGGCAAACTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2085  
 Db 3498 ATCAAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3528

## RESULT 9

BTPTOXIS/c 127923 bp DNA linear BCT 16-APR-2005

LOCUS DEFINITION Bacillus thuringiensis subsp. israelensis plasmid pBtoxis.

ACCESSION AL731825

VERSION AL731825.1 GI:21685410

KEYWORDS SOURCE ORGANISM

Bacillus thuringiensis serovar israelensis  
 Bacillus thuringiensis serovar israelensis  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus  
 cereus group.

REFERENCE 1 (bases 1 to 127923)  
 AUTHORS Berry,C., O'Neill,S., Ben-Dov,E., Jones,A.F., Murphy,L., Quail,M.A.,  
 Holden,M.T., Harris,D., Zaritsky,A. and Parthill,J.  
 TITLE Complete sequence and organization of pBtoxis, the toxin-coding  
 plasmid of Bacillus thuringiensis subsp. israelensis  
 JOURNAL Appl. Environ. Microbiol. 68 (10), 5082-5095 (2002)



PUBMED 12324359  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 127923)  
 AUTHORS Parkhill, J.  
 JOURNAL Direct Submission  
 Submitted (13-APR-2002) Submitted on behalf of the Ptoxis  
 Sequencing team, Sanger Centre, Wellcome Trust Genome Campus,  
 Hinxton, Cambridge CB10 1SA E-mail: parkhill@sanger.ac.uk  
 Notes:  
 Details of ptoxis sequencing at the Sanger Centre are available on  
 the World Wide Web.  
 (URL, [http://www.sanger.ac.uk/Projects/B\\_thuringiensis/](http://www.sanger.ac.uk/Projects/B_thuringiensis/)).  
 COMMENT  
 FEATURES  
 source  
 1..127923  
 /organism="Bacillus thuringiensis serovar israelensis"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /db\_xref="taxon:1430"  
 /note="Plasmid pBtoxis"  
 1145..1149  
 1163..2089  
 /gene="pBto01"  
 1163..2089  
 /gene="pBto01"  
 /note="Similar in part to Bacillus anthracis pcol-49  
 TR:Q9X319 (EMBL:AF065404) (227 aa) fasta scores: E():  
 8.9e-44, 78.48% id in 158 aa"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /protein\_id="CAD30064.1"  
 /db\_xref="GI:21685411"  
 /db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KXK5"  
 /translation="MSTHINFSQONFKHYGFQDLFNLIKLENERKELPSSALATY  
 IMHRECDIGMLPREQIMDLAKSGFDPYITITGPOVCEKLVREIPGNTAYE  
 IVDVALNHTAETDNTNINISLSTRIPYIQTITSLSKARDNRGIMILLIELINT  
 FSRKIGEHYHKEIDEFITRKMAFLKELNRNNAKRVQYIEIVKIFENAVLDKDG  
 SSERITRRQVOQVIEIKFNVISSNCVLENKDELRPIACRKEKVASRLKMGQ  
 ALRKDKENIMTAFQEIIVDIEIYLPFKOKON"  
 2246..3106  
 /note="IS240"  
 complement(2246..2262)  
 /rpt\_type=INVERTED  
 2337..3044  
 /gene="pBto03"  
 2337..3044  
 /gene="pBto03"  
 /note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element  
 IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta  
 scores: E(): 2.2e-92, 99.57% id in 235 aa, and to  
 Mycobacterium fortuitum, transposase tnp tnp6100 TR:Q49185  
 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E(): 1.4e-37, 48.05%  
 id in 231 aa"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="insertion element IS240 protein"  
 /protein\_id="CAD30065.1"  
 /db\_xref="GI:21685412"  
 /db\_xref="GOA:Q8KXK4"  
 /db\_xref="InterPro:IPR001584"  
 /db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KXK4"  
 /translation="MEKENIFKMKHYQADMILMTVRYLYRNLSFRDLVEMMERGLS  
 LSHTTIMRWVHOYGPENLIRKHLKRTNDSWRVDEYIKIGENMYLYRAVDSGNT  
 LDFYLSKGRDAKACFLKKALASPHYTKRPVITVDGKAVPAVIRELKNKESIPYGM  
 PLRYKYLIANNIIEODHRIKRIILNMLGLKSMQAVKVIAGIEMAHMYKKQLTRARQ  
 SAQONRCHIQLEFLTA"  
 2538..2933  
 /gene="pBto03"  
 /note="HMPFam hit to PF00665, Integrase core domain"  
 3090..3106  
 /rpt\_type=INVERTED  
 3521..4381  
 /note="IS240"  
 complement(3521..3535)  
 /rpt\_type=INVERTED  
 3612..4319  
 gene

CDS  
 3612..4319  
 /gene="pBto04"  
 /note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element  
 IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta  
 scores: E(): 3.5e-91, 99.14% id in 235 aa, and to  
 Mycobacterium fortuitum, transposase tnpA or tnp6100  
 TR:Q49185 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E():  
 1.1e-37, 48.05% id in 231 aa"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="insertion element IS240 protein"  
 /protein\_id="CAD30066.1"  
 /db\_xref="GI:21685413"  
 /db\_xref="GOA:Q8KX55"  
 /db\_xref="InterPro:IPR001584"  
 /db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KX55"  
 /translation="MEKENIFKMKHYQADMILMTVRYLYRNLSFRDLVEMMERGLS  
 LSHTTIMRWVHOYGPENLIRKHLKRTNDSWRVDEYIKIGENMYLYRAVDSGNT  
 LDFYLSKGRDAKACFLKKALASPHYTKRPVITVDGKAVPAVIRELKNKESIPYGM  
 PLRYKYLIANNIIEODHRIKRIILNMLGLKSMQAVKVIAGIEMAHMYKKQLTRARQ  
 SAQONRCHIQLEFLTA"  
 3813..4208  
 /gene="pBto04"  
 /note="HMPFam hit to PF00665, Integrase core domain"  
 4365..4381  
 /rpt\_type=INVERTED  
 complement(4634..5275)  
 /gene="pBto05"  
 complement(4634..5275)  
 /gene="pBto05"  
 /note="Similar to N-terminus of Bacillus anthracis pcol-18  
 TR:Q9X2Y9 (EMBL:AF065404) (315 aa) fasta scores: E():  
 4.2e-56, 84.15% id in 183 aa, and to Bacillus halodurans  
 Bh2364 protein TR:Q9XAC5 (EMBL:AP001515) (378 aa) fasta  
 scores: E(): 1.6e-18, 35.45% id in 189 aa, and weakly to  
 Lactobacillus delbrueckii integrase/recombinase orf2  
 TR:Q48538 (EMBL:Z50864) (333 aa) fasta scores: E(): 6.3,  
 28.88% id in 90 aa, and to Bacillus thuringiensis  
 resolvase tnpI SW:TWRI\_BACTU (P10020) (284 aa) fasta  
 scores: E(): 8.5, 23.88% id in 180 aa"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="Integrase/recombinase family protein"  
 /protein\_id="CAD30067.1"  
 /db\_xref="GI:21685414"  
 /db\_xref="GOA:Q8KXK3"  
 /db\_xref="InterPro:IPR004107"  
 /translation="MSKNINLEETLAPSAVLEKGRKQSTIKRYAVDIQFYKRLA  
 NKLHLIKNSSELSADYQTFSELEKRYKQSTRRIWYVYLKHLMPFLICIVSPLOG  
 INSLIPDQSLNDNDFTTEBEKLIKQTVSLTKLTRQAKTRPLINDRNCLINLVV  
 NYGLSLQELVLSNLSHNFARNITCYVKIKIDTLNRDILFYKQLEIVAFHRTSF"  
 complement(4985..5251)  
 /gene="pBto05"  
 /note="HMPFam hit to PF02899, Phage integrase, N-terminal  
 SAM-like domain"  
 complement(5283..5286)  
 complement(5364..5507)  
 /gene="pBto06"  
 complement(5364..5507)  
 /gene="pBto06"  
 /note="Similar to Bacillus anthracis pcol-17 TR:Q9X2Y8  
 (EMBL:AF065404) (47 aa) fasta scores: E(): 2.1e-12, 68.08%  
 id in 47 aa"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=11  
 /product="putative integral membrane protein"  
 /protein\_id="CAD30068.1"  
 /db\_xref="GI:21685415"  
 /db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KXK2"  
 /translation="MAVLKDSNYIEMNTYIEIGFGKIFWGLIFVVPFWSIMATFTW  
 LCK"

misc\_feature  
 gene  
 RBS  
 CDS

```

misc_feature      complement(5370..5435)
                  /gene="pbc006"
                  /note="1 probable transmembrane helix predicted for pbc006
                  by TMHMM2.0"
RBS               complement(5515..5519)
                  /gene="pbc007"
                  /complement(6451..8160)
                  /gene="pbc007"
                  /complement(6451..8160)
                  /gene="pbc007"
                  /note="Similar to Bacillus anthracis pcol-16 TR:Q9X2Y7
                  (EMBL:AF065404) (569 aa) fasta scores: E(): 0, 96.13% id
                  in 569 aa, and to Bacillus thuringiensis pcol orf16-1
                  protein TR:CA50562 (EMBL:AJ226638) (310 aa) fasta scores:
                  E(): 6.5e-122, 99.67% id in 310 aa"
                  /codon_start=1
                  /transl_table=1
                  /product="conserved hypothetical protein"
                  /protein_id="CAD30069.1"
                  /db_xref="GI:21685416"
                  /db_xref="UniProt/TBMBL:Q8RNX1"
                  /translation="MGKSFIIQNRSLNGKTTNAVVTLSKQKFAVEEKYKYKD
                  TYLEDILQHTYERLADVGFVKAKPSFSRSMSTLAKTGKHLVGIITADLEV
                  FLVHKKCTNGVLPNTIIMMEDYKQYKEEFAYIOHSQFYALKLNLHNTISIN
                  GLDGRYTIKLTFFNEETEKANPVYVISPVIPTDQPKLSIAAKFLIDIAQOHEET
                  TLKSLDKODRGKTHRGKGRKALHKYVHQIRAVIEELTALPCGNLPRICRQK
                  KGVKHTKRTTYLISHSDFLCSKEASBQHPFTEKATYARAKTEALDQSNIG
                  ELSADNKRFLHVKYTCRQIRSVIRGLRWDRKEGYPRKIYVTLKKLHVQSYOI
                  LDTAKKEGIYPLAQHLPKERNSDRQAVRFGLHAYEPRKIVNKKMFKNVHLLKQK
                  FAVPTSESYRYNLTAKOETLDFPKYAVDQVNLHAYIALEIREKGLKRGKHEKRT
                  PSDVREWFIEIDKLPOEKLRVIELPKQFNLBERFMRFEELVRAQVITITAPDVLHNM
                  EIK"
RBS               complement(8168..8173)
RBS               8947..8951
RBS               8952..8953
RBS               /gene="pbc009"
RBS               8959..10653
RBS               /gene="pbc009"
RBS               /note="Similar to Bacillus anthracis pcol-14 TR:Q9X2Y5
                  (EMBL:AF065404) (564 aa) fasta scores: E(): 1.6e-191,"
CDS               Query Match
                  Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 1.2e-36;
                  Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;
                  16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 127923;

QY 499 TATMAAACGCTATTACTATTATGCGCAAGCTGTAATTTTCATTAAATTTATTA 558
Db 95925 TATAACATACTAGATATATCTAGTTATGACACAGCAAGCAATTAACATGACGTATTA 95866
QY 559 CAACAAGTCTGTAATGCTGATGATGAAATGCAATGATACATCTTCACAAAATTGAA 618
Db 95865 AATCAAGCCGCAAAATTTGAAGCGTATTTAAAAAACAATCGAATTCGATTATTTAGAG 95806
QY 619 CCTAATCTGGAACATGATGATGATTAATACTTTTAAAAAGAAATATACCTAAATAT 678
Db 95805 CCTTTGCC---AACAGCAATTTGATTTATTCAGTATTGACTAAAGCTATAGAAATTAAC 95749
QY 679 AGTAATATGTGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATAACTTCGAAACGAACCTAAT 738
Db 95748 ACTAATATGTGTAACAACCTTATAAAAAGAGTTAATTAATTAAGAGAGCCGTGAT 95689
QY 739 ATGAGATGAGATATTTAATGATTAACGAAGATATATGACTATTACTGATTTAGATACT 798
Db 95688 AGTAATCTTGATGAGAAATATTAACGTGAACACATACATACGATTCGAACAAAATGACT 95629
QY 799 ATGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATACAAAGTGAATAGAGAAATAGT 858
Db 95628 ACTGCTGATTAATGATCTTTGCACTCTTTCTTAATTAATGATAGGTAATATCCATA 95569
QY 859 GGCAATTAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATCAACTGAATATTAATTTGACCGCTCT 918
Db 95568 GGTGTCAATCTGAACCTTACAGAGAAATTTAT-----CAGGTATCTTAACCTCGAAGA 95516
QY 919 ACTTACCTGAATTCACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATATTAATTAACACGTTCAAGG 978

```

```

Db 95515 AAGCCCTATTAATATTAATTAATGACTTCAATATCAAGAGATTCATACGATAGACCGCA 95456
QY 979 CTAGATATTAATTTTCAATTTTAAAGTGAACCTATATTTTATACAAAATAAGAAAGTACGGG 1038
Db 95455 TTATTTACTTGGCTTGATTTCTTTGAATTTTATGAAAAAGCGCAACATCTCTTAATA 95396
QY 1039 AATCGTTAGTGGTATGCGAATCGTAATAGATCTACTT-ATGCTACGACAGAACTGA 1097
Db 95395 TTTTTCACAGCCATTAATATATATGTTTCAATTAACACATCTGATATATATCCAAAATC 95336
QY 1098 AATTAATATATGAGAAAGAAACAGTCCACCCCAACAAAACCTTAATACATTTGAATC 1157
Db 95335 TAGGTGTTTTGGAAATCAACATGTAACGTATTAATTAATCTCTGTTTGGCAACAA 95276
QY 1158 CTATTAAGTTTCAATTTGTAATGATAGACAGTAACCTCACTCCCTTTTCTTAACAT 1217
Db 95275 TATTTATATTTTATTTATTAATATCTCAATAGCTTAATTAATATCTAAATGATTTAA 95216
QY 1218 ATACTTACATTAATCAAAATGGAACCTTAATTAATTAATCACTTAATTAATTAAC 1277
Db 95215 TAATATTAAGTAATGATGATTTTATTAATACTAATGCTACGACTTTGGAGAAAGACT 95156
QY 1278 ATATTAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATATAAAAGAACTGATTTCAATTCCTCT 1337
Db 95155 TACAGCAGATCTGGCAATTAATCTATGATGTAATTAATTAATTTGGGTTACCAAT 95096
QY 1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTACCAAGCTATTAATGATATAG 1397
Db 95095 TCTTAACAGAGAGAAATCAAGAGAAACCTTACCTTTTCCACATATGATACATATAG 95036
QY 1398 TCATATTTATCCAGTTTCTTATTTATTAATTAATTCCTAATAAATGATATAGCGTAAA 1457
Db 95035 TCATATTTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 94991
QY 1458 TATATTAATTAACAGGCTATTAAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATGCAAT 1517
Db 94990 TAAACTCAAGTGTAAATCGTTGCTTGACACACTGATGTTGATCTTAAATAATCAAT 94931
QY 1518 ATCAGATTAATAATTAATTAACATGATCCCAATCAAAAGGTAACAGTCTGATACAACTC 1577
Db 94930 TTATACACATTTTATACCTCAACCAATTCACGCTGTAAGAAAGGAATTCATCTGGAGCTCTC 94871
QY 1578 TAAGTAATTAAGAACTGTGTCATACAGAGAGAACTTGTTATTTAACAAGTCAAGG 1637
Db 94870 TAAGTTGTTCAAGGACTGTGTCATACAGAGAGGAGTTTAATGATTTCAAAAGATCA--- 94814
QY 1638 GCGTTTATGATTAATGATGATGAACTCTTAATTTCAACATCTTATTAATGATGACTTGG 1697
Db 94813 ---TTTCAAAATTAACATGTCACATCAAAATTTTCAACATGCTATTTTATAAGAAATTCG 94757
QY 1698 ATAGCTACAAATGATGCTGGAATATCTCTCTTAATATATCTCTTACAAATACAGAGAT 1757
Db 94756 TTATGCTTCAATATGAGAGCGCAATATCTGAGCTGTTATTAATCTTAATATCCAGGGGT 94697
QY 1758 AATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAAACATTTTCTGTAACAATTAATTAATTT 1817
Db 94696 AGCAGAACTG---GGATGGAACCTCAACCCCACTTTTCTGTAACAGATTAATGCAATTT 94640
QY 1818 ACAATACGAGATTTTGGGTATTTCAATTTCAAGTACAGTAACATTAATCTTTAAATG 1877
Db 94639 AAAATATTAAGATTTCAAGTACATTAATTTCTAAGAGGTAATTTGCTCCCAATCA 94580
QY 1878 AAACATACATTAATTAATTAATGTCAGATGAT---CAAAATCAATTTTATCACTTGA 1934
Db 94579 AAACATATCTCTGTGTTTATATGTTTGAATGATATACAAACAAACGATCTTAATGA 94520
QY 1935 TAAATTAATTAATTAATCAATTAATCTCTCTGTAACCAAAATAGAGAAACCAAAAT 1994
Db 94519 TAAATTAATTAATTTCTGCAATTAATCTGTTCTAATGAGAGGATAGAGAAACCAAAAT 94460
QY 1995 AGAAATATTCAAACAAAATTAATGATTTTCAAAATCATTAACAAAATATCTTTAA 2054

```

```

Db      94459 AGAAGACGTACACAAATTAATTAATCATTTTANGCAATCTTATTAACAAACCTTACA 94400
Oy      2055 TATGAAGCCCAACATATGATTAATGATTA 2085
Db      94399 ATCAGAACTTACAGATTAATGATTAATCA 94369

RESULT 10
BTH251977
LOCUS   BTH251977 6009 bp DNA linear BCT 22-DEC-2001
DEFINITION Bacillus thuringiensis subsp. medellin cry29a gene for Cry29aA protein.
ACCESSION AJ251977
VERSION   AJ251977.1 GI:17977978
KEYWORDS  cry29aA gene; Cry29aA protein.
SOURCE    Bacillus thuringiensis serovar medellin
ORGANISM  Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.

REFERENCE
1 Delecluse, A. and Orduz, S.
  Characterization of two new mosquitocidal toxins, Cry29A and Cry30A, from Bacillus thuringiensis medellin
  Unpublished
  2 (bases 1 to 6009)
  Delecluse, A.
  Direct Submission
  Submitted (22-DEC-1999) Delecluse A., Bacteries & Champignons Entomopathogenes, Institut Pasteur, 25, rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, FRANCE
  Location/Qualifiers
    1..6009
      /organism="Bacillus thuringiensis serovar medellin"
      /mol_type="genomic DNA"
      /isolate="163-131"
      /sub_species="medellin"
      /db_xref="taxon:79672"
      /country="Colombia"
      /date=".2594"
      /gene="cry29aA"
      /size="642..2594"
      /gene="cry29aA"
      /function="putative mosquitocidal toxin"
      /codon_start=1
      /evidence=experimental
      /transl_table=1
      /product="Cry29aA protein"
      /protein_id="CAC80985.1"
      /db_xref="GI:17977979"
      /db_xref="GOA:Q8VNX2"
      /transl_table="UniProt/TREMBL:Q8VNX2"
      /translation="MNSFQNKVEYELIAPSSINIPNYSKYPIANTLQNTONTYKDTNMCADINDLNKSNIPFANLQNSLVGLPAIPAAASLSAPITGTSIAAGTALAAILPILWPSQENLIPDLAISLSEATVSGFQDQVREDAALRLSLDSGVFENAFPTFWNNPSTNTTTRERROEVNRFVSGMAFPRAKNTPELILSTVYAOAARLHLHLDGITRAEKRNLSROGDDMDGDLTYKFNKYCMETREKCTYNESLSLKSIGAMWLEKNGYRFLTASLVLDVLSLSSYDPRLYKRLSVELTRKLYDPIYHSGISLADSEKVTLEPFLFTQLYTLTFYSNIYFNYNMGHTNTRYSPDKTFARERFGQSSYIDVPIPNDSKIITYKIRAYNNHNGLFNVMYFGFWDGSKDIOIKIIGSSTEIYIKNTHLAVISHDLDEKNCYSFAMSTSTISLENIKNDIITQIPAKVQLGQSOVIGPGHGTGDLINKSDYLRISCOHLSNVTKYFPIRATGSLNTRPIINITIPGMPOGMVDNTPSGTGSNIENYONFGYKFLKEYTLANPNOSISLTILNRSQNSNILLDRIFLPITPSIRKSEQNLERNQKTNKLFNN"

ORIGIN
Query Match 10.6%; Score 221.8; DB 1; Length 6009;
Best Local Similarity 65.2%; Pred. No. 6e-21;
Matches 376; Conservative 0; Mismatches 192; Indels 9; Gaps 3;

Oy      1473 TGCATTAGATGACACACAGTAGTGTTAATGAATATGCAATATCAGATTAATAT 1552
Db      2027 TTCTTTGACATGACATCTACTACAAATTCCTTGAAATGAAATTAATGAATATAT 2086

```

```

Oy      1533 TACATGATCCGACATCAAGGTAAACGCTTGATACAACTTAAGTAATGAAG 1592
Db      2087 CACGCAATCCCTGCTGTAAAGGCTATCAATTAGGTGCAATCAAGATTAAG 2146
Oy      1593 ACTGTGATACAGAGAGAACTTGTTATTTACAAAGTCAMGGCGTTAGAGATTAC 1652
Db      2147 TCCAGGTCAATCGGTGAGACCTTAATTAATTAATCAAAATGATTAATTCCTATATC 2206
Oy      1653 ATGTAGA---ACTCCATATCTACACATCTATATACATAGCTTGATAGCTACAAA 1709
Db      2207 ATGTCAACCTTATCTAATATGTTACAAAATAATTTGTAGAAATGCTAGCTACAAA 2266
Oy      1710 TGGTGTGAAATACCTCTCTTAATATATCTCTTACATACACAGATTAATGAAATACC 1769
Db      2267 TGGTCTTAATATCTAGTGGCCATTAATTAATTAATTCATTCGAG---AATGACACACA 2323
Oy      1770 ACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGTGACAAATTAATTAATTAATTAATCGAGAGA 1829
Db      2324 AGTATGCTACTCGATATATCTTTTCTGTGACAGTTAATAGCAATTAATTAATCAAAA 2383
Oy      1830 TTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAGTACATGATACCTTAATGCAATCAATCAAT 1889
Db      2384 TTTTGGGTATTAAGAAATTTCTAAAGAGGTAAATCAATCAATCAATCAATCAATCT 2443
Oy      1890 TATATTAATCGTCAGATGA---TCAATTCATTTTATCATGTGATTAATTAATGAATT 1946
Db      2444 TACATTAATCGTCTCTGATCAAAATTCATTAATTCATTTACTCTTATTAATGAATT 2503
Oy      1947 TATACCAATTAATCTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAACAAATTAATTAATCA 2006
Db      2504 TCTACCAATTAATCTCTCTGTAGCAAAAGTAAAGAACAAATTAATTAATTAATCA 2553
Oy      2007 AACCAAAATTAATTAATTTTTCACAAATCATCAAAA 2043
Db      2564 GAAACCGTAAACAAAGTTATTTTCATTAATTAATTA 2600

RESULT 11
LOCUS   D0078744 434 bp DNA linear BCT 11-JUL-2005
DEFINITION Bacillus thuringiensis strain LDC-9 cry4A insecticidal protein (cry4A) gene, partial cds.
ACCESSION D0078744
VERSION   D0078744.1 GI:68348768
KEYWORDS  Bacillus thuringiensis
SOURCE    Bacillus thuringiensis
ORGANISM  Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
REFERENCE
1 (bases 1 to 434)
Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.
PCR analysis and molecular characterization of cry4A gene of indigenous Bacillus thuringiensis LDC-9
Unpublished
2 (bases 1 to 434)
Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.
Direct Submission
Submitted (31-MAY-2005) PG Department of Zoology and Research Centre, Lady Dook College, Chinnachockikulam, Madurai, Tamilnadu 625002, India
Location/Qualifiers
  1..434
    /organism="Bacillus thuringiensis"
    /mol_type="genomic DNA"
    /strain="LDC-9"
    /db_xref="taxon:1428"
    <1..>434
    /gene="cry4A"
    <1..>434
    /gene="cry4A"
    /note="Cry4A delta endotoxin; contains putative conserved domain of delta endotoxin"
    /codon_start=1

```



Db	1787	CACCAAGACATACCAATTAAGATTTGATCACCCTTAAGATACAGAAAAATCACATGGG	1846
Oy	750	TATATTTAATGATTATTCGAGATATATGACTATTAAGTATTAAGTATCTATGCTCAAT	809
Db	1847	TGCTTATTAACAATATCGTGCAGAAATGACCTTAATGTATTTGATCTTGTGCAACTTT	1906
Oy	810	TTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGATTCATTAAGAAATAGTGGCAATTAAC	869
Db	1907	TCCCTTTTATATATACCTCGTT-----TTCCAAAGAGATGAACT	1948
Oy	870	TGAACCTTACAAGAAATTTATPACAACTGAATATAATTTGACCGTCTACTTACCTGA	929
Db	1949	AGAAATTAACAAGAGGTTTATACAAAGTTTGAATCCACCTGTTAAATGCTGGGCCAAT	2008
Oy	930	AATTCACCCCAATCTCGCTATATAGAAATATATATTAACAGCTTCAGGGCTTAATAT	989
Db	2009	ACCGAATATAGATTTCAGTTATTTGGAAGATCATTTTACAGACCA---CCAGGCTATTT	2065
Oy	990	TTCAATTTTAAATGAACTTAATATTTTATPACAAAAATGAACGTACGGAAATCGTTTGT	1049
Db	2066	TACTTGGCTGCAGATATTTGAGTTATACACGAGAGTGGCAGAGGCGATTTATTTATTC	2125
Oy	1050	TGATATGGCAATCGTATATAGATCTACTATGCTACACAGAACTGAATTAATATG	1109
Db	2126	AGGATTTGAGAGTCTAAATATTAATACGT-----AATCAATTTTATA	2169
Oy	1110	AGAAAGACAGATCCACCAACCAAAACCTTAATACATTTGAATCTCTAAAGTTTC	1169
Db	2170	CGATGAAAAATATTTATGATATACAAATAGATTAATGATAGACGTCACTTACATTAATTC	2229
Oy	1170	AATGTAACTGATACAGAACTACTCTACTTCCCTTTCTTAACATATATCTTACAAT	1229
Db	2230	CAGCGAATTTATCACTCACTTAAGCATAAACCGAGTTTCAACATATAGCTGGTATATA	2289
Oy	1230	TATCAAAATTGAATCTTTATTAATATTCACCTAGTATTAATTAATACATTTCACTGG	1289
Db	2290	ATAAGTTATACGTTTAATTCAAAAATCGATTCACAACTTTTAAAAACATATAGAT	2349
Oy	1290	GGGGAAATTAATCTATATGATTAATAAAAAACAATGATTTCAATTTCCGTAAAAAAGACT	1349
Db	2330	ATCAAAAAATTTTATATGTGAATATCA-----AATGAACCTCAAGAAC	2395
Oy	1350	TAAACCAATTAATTAATCCAAATTTGTTTACAGATATATATGTTATAGCTAATTTATC	1409
Db	2396	TACAAATATCTATATGATTAATGCGTGTTCAAACAGCCAAAAATTCAAACATTAATTTATC	2455
Oy	1410	CCAGTTTCTTATTTAAATATTTCTTATAAAATGGAATTTAGGCTAAATATATATATAC	1468
Db	2456	TCAATTTCCATTAATCAT-----CCACCAAGTAAAGTTGCTGAGTATTTTCACTCAT	2509
Oy	1470	AGGTCATTAAGATGAGACACACAGATGTTAAATGAATATATGCAATATACAGATTAAT	1529
Db	2510	ATTTCATATAGGTTGGACACAAATATGTTAACTCCAAAAATTTAAATATACAGAAAGTGT	2565
Oy	1530	AATTCAATGATATCCAGCAATCAAAAGTTAACAGTCTTGATATCAAACTCTAAGTATATGA	1589
Db	2570	GAGTACACAAATCCATTTGTATTAAGCTTTAGCAATTAACATTCATTC---GTTATAG	2626
Oy	1590	AGGACCTGCTCATACAGAGGAACTTGTTTATTTAACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAAAT	1649
Db	2627	AGGACAGAGTTTATCAGGTGGAGATTTATATAGAACTTGCTGATATATGTTCAATTAATG	2686
Oy	1650	TACATATGAACTCCTAATATTCACACATCTTAATCAATTTGAACCTGCATACCGTACAA	1709
Db	2687	TAAA-----GCTAGTTCTTTAAAAAATACCTTAATAGCTATTTTATGCTGCATA	2733
Oy	1710	TGCTGCTGAAATTAATCTTCTTAATATATCTTTTACAATACACAGAGATTAATGAAATAC	1768
Db	2738	TAAAGCAATAGCTGATATCAATAGAGTATGATATTCGAGAGAGAGTTTCTATTTGCAAC	2797
Oy	1770	ACCTCAAGACTCAACAACTTTTCTTGATCAAAATTTAATTAATTTCAATACGAGGA	1822

DB	Accession	Version	Source	Organism	Reference	Authors	Title	Journal
DB	2798	TAC02TTTCTAGAAAGGGAACATTAATTTAGACATTCAAAC---	CTTACTATTAAGA	2854				
QY	1830	TTTGGGATTTCCAAATTTCCAGTACGTAACATTACCTTTAAATGAAACATACATT	1889					
DB	2855	TTTTCAATATCATACATTTTATGATATGAAATCCGAAAGTGAAGAAATTCATAT	2914					
QY	1890	TATTTTAATCGACAGATGATCAATTCAAATTTTATCATGATTAATAATGAAATTAAT	1949					
DB	2915	CCATTGGAAGGAGAGATGATATTTTATTAAC--ATGAGAGAGAGATGATTTTAAATTTAAT	2971					
QY	1950	ACCAATTAATCTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAACAAAATTTAGAACTATCAAAAC	2009					
DB	2972	AGAATTCAAACCTATATGATGAAATTTATCTAAATGAAATGAAATTTAGAGAGCAAGAA	3031					
DB	3032	AGCAGTGAATGTATTTATTAATTAAC--GCAACAAACGCTTTGAAATGACGTAACTGA	3088					
QY	2070	CTATGATTTGATTA 2085						
DB	3089	TTATCACAATGATCA 3104						
RESULT 13								
AB125059								
LOCUS	AB125059	3752 bp	DNA	linear	BCT 28-OCT-2003			
DEFINITION	AB125059							
KEYWORDS	AB125059							
ACCESSION	AB125059							
VERSION	AB125059.1	GI:37999233						
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Bando, H. and Asano, S.							
TITLE	Cloning and Expression of Novel Crystal Protein Genes from <i>Bacillus thuringiensis</i> subsp. entomocidus							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Direct Submision							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							
JOURNAL	Submitted (24-OCT-2003)							
REFERENCE	AB125059							
AUTHORS	Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.							
TITLE	Submitted (24-OCT-2003)							

CDS

```

AGRTNNVITFMNGPOKASSNNISIKQTHILSDIKMYFTFGMYQYDREKSPA
WHTSVDPNDLIVPNRIITQIPAVNALISIDSKVAKPFIIGGLLLKQATRIKT
DHANTRKIRVANSNANTPOTIPLVLSIDTIPOTLTHSTISLQLOKFOYVTPFG
EFIMDKPSIDVAIRIGVONDRNDIWDRIEFLITQSLDYLTBEQNIKSKQAVNDLFI
N"
2115..3752
/ntc="ORF2"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="hypothetical protein"
/protein_id="BAD00053.1"
/db_xref="GI:37999235"
/translation="MFTSGTRMKIKITTYEIRVANSIENSDSEHSGKMLNDE
VKAKQLSQSENILQNGDFEDLFGWTSNMSIOSNATFKGYILNMSGARDIYGTI
FPYIYQKIDBSKLPYRRLVRFVGSSELELVNRKGEIDITINVPNDIPIYPS
MPVCEVYDQOQLYNGNNGYVPMVPSYSDACQCPGKHYVACDSDKFKH
IDNGEVYKTNLGIWLLKISSPDVATLNDLVEIEGSPGKALHVKKEKKNNH
MEKKMETKOAYDQAKOAVDLFTGEALHVDLTSQIKANQVQSIPIYHNELPVP
PKAWYDIYQELNARINQARYIYDARNVITNGDFTQGLQGMHBEKVEVQMGSLV
LSNMSVSGQMLHVOHHGCVLRVSAKBEKGKGYVMGCKNGKQETLTLETCDGGM
TKIVEFTESDRAVIEIGETEGFYIESIELIMNGYTRKNNQMSNMVDOSYTNSY
QNTSDMYVQYNNVEQHAQCTCMQYNNGCTCNGC"

```

ORIGIN

Query Match 8.7%; Score 180.4; DB 1; Length 3752;  
 Best Local Similarity 49.6%; Pred. No. 2.7e-15;  
 Matches 766; Conservative 0; Mismatches 706; Indels 72; Gaps 9;

```

QY 500 ATAAAGCGTATTACTATCTATTATGCGCAAGCTGCTAAATTTTCATTTAAATTATTTAC 559
Db 587 ATAAACCGGATTTATTAATCTTTATGCAAACTGCTAAATTTGATTTGATTTATATC 646
QY 560 AACAGGTGCTGAATTTGCTGATGAAATGCAATATACATCTTCACAAATGGAAC 619
Db 647 AAGAGGGGCGGTATGAGATGATGGGAAAAGATATTAATGATC-----TATAT 700
QY 620 CTATATGCTGAACATCAGATGATCTATTATTAACCTTTAAAAGAAATATACCTAAATATA 679
Db 701 CTCGGTTTGGGGTCAAAAAGCTATTATGATCTTTAAAACGAAATATGAAAGATATA 760
QY 680 GTAACATTTGCGCAATACCTATATAGAGAAGCTAAATTAACCTGAAAGCAAGCTATA 739
Db 761 CTATATTTGTGCGAAGAACATATAGAAACAGTTAAATATCTCAAAAACAAACCAATA 820
QY 740 TGAATGAGATATTTATGATTTATGAGATATATGATTTATCTATGATATGATATA 799
Db 821 TCTCTGGGATACGTATATTAATATGATGATGAGAGGAGCTTTAGTGATATGATTAAG 880
QY 800 TCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATCAAAAGATTCATATGAGAAATAGGTG 859
Db 881 TTGCATTTATTCGCAAAATTTAGATGATCTTTATCGACGACAAACAAACGAACTTA 940
QY 860 GCATTAAGCTGAATCTTACAGAGAAATTTATACAACTGAAATTAATTTTGAACGCTCTA 919
Db 941 CTGAAAAATTTATATGCAATCTTGGTTTACAAACATGCAACTACTTTTCAAGTCTAG 1000
QY 920 CTTAACCTGGAATCAACCAATCTGCTATATGATATATTAATTAACAGTTCAAGGCG 979
Db 1001 AAGGGTGAAGAAAGCACTTACGATCGCATCATTAATTTACTT-----GGTT 1049
QY 980 TTGATATTTTCATTTTTATGATGAACTTATTTTATCAAAAATGAAACGTACGGGA 1039
Db 1050 AAAGCAATTAACCTTTATACAGTACGTAAGAAATTTCAATCCACCTTTACAGGATCTTC 1109
QY 1040 ATCGTTAGTTGATATGCGAATCGTATATGATCTACTTTATGACGACGAACTGAAA 1099
Db 1110 ATGTGTGGTCTTCAAGCTAGATCTCGTTATACCA--AAATCCACTATATCTTGATATC 1168
QY 1100 TTATATATGAGAAAGCAAGCTCCACCCACACAAAACTTTATATCAATTTGAATCCT 1159
Db 1169 CGGCTCAAGAGTCAGAAATGATCATCAACAAATAGGGTTAAATATCACTTTGTTT 1228
QY 1160 ATAAAGTTTCAATTTGATGATGACAGTAAGTAAGTCTTCTCTTCCCTTTCTTAACTAT 1219

```

```

Db 1229 ATAAATATCAATGTCACATATCATATCCAAATGATGTAGCTCAATAGCTGAATTT 1288
QY 1220 ACTTCAATTAATCAAAATTGAACCTTTATTTAAATAATTCACCTAGTAATTAATTAAC 1279
Db 1289 CCGATATGACCTTTTATTAAGATTTATATATGATATGATATGCACTCA---AACTT 1345
QY 1280 ATTCACTGGGGGAATTTATCTATGATATTAATAAAACAACTGATTTCAATTTCTGTAA 1339
Db 1346 ATCAAGAGGTAAACACAAATATATGATCAATAATCA-----TTATGAATGGTCCAC 1399
QY 1340 AAAAAGCTTAACCAATTTATATCCAAATTTGTTTACCAAGCTTATATATGATATGTC 1399
Db 1400 AAAAAGCTCAAGCTCAAAATTAATTTTCAATTAACAAACAAAGCATATATCTATCGATA 1459
QY 1400 ATATTTATCCAGTTTCTTTATTAATATATCTATTAATAATTTGATTAAGCTTAATA 1459
Db 1460 TTA-----AAATATATATTTTGAAGTGGCGGAATGTACCAAGTAT 1501
QY 1460 TATATATACAGGTGATTAAGATGACACACAGTATGTTATATAGAAATATGCAATAT 1519
Db 1502 ATGATTTGATATTTATCTATTTGCTTGACACATCTATGATATCTGATATCTAATTTG 1561
QY 1520 CAGATTAATTAATTAACATATATCCAGCATCAAGGTAAAGTCAAGTCTTGATTAACACTTA 1579
Db 1562 TTCCAAATGAATTAACAAATATCTGCTTTAAAGCTTTGGGAATCAATACGATTCGATA 1621
QY 1580 AGGTAAATGAAGACCTGCTCATACAGAGAGAACTTGTTTATTAACAAGTCAAGGGC 1639
Db 1622 AATTTGGAAGAACCTGTTTATATAGAGAGATTTACTCTTCTGAAATTAACAG--- 1678
QY 1640 GTTTAGAGATTACATGTAGAACTCTTAATTTCAACAACTTATTAACATTTAGACTTCAT 1699
Db 1679 ---CAACATTTAGAAATTAACAAACATCAAGCTAACCTGTTATTAATAACGATTCGAT 1735
QY 1700 ACGTCAAAATGCTGCTGGAATATCTTCTTATATATCTTCTTACAAATCCAGAGTAA 1759
Db 1736 ATGCTTCAATG-----CAAAATCAACAAATGATGATATCATCATTTAC 1777
QY 1760 TAGAAATACCACTCAACGACCTCAACACACTTTTCTGATACAAATTAATTAATTTAC 1819
Db 1778 AAATATCTTAACAGTATGATGTTTCCAAACATTAATCTATTTACATATTTAGGAGATTAC 1837
QY 1820 AATACGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAGTACAGTAACTTTAATTCGAA 1879
Db 1838 AATATGAAGATTTCAATATGTAATTCATCCAGGTGAATTTATATGAT---AAGCAA 1894
QY 1880 ACATACATTTATTTAATCGTCAAGATGATCAATTTCAATTTTATATCATTTGATTA 1939
Db 1895 GTATAGATGATGCTATTAAGAGGTGTAACAAATGATGCAATGATATATGATATGATA 1954
QY 1940 TTGAATTTATACCAATTAATCTTCTGTAAGCGCAAAATGAGAAAACAAATTTAGAAA 1999
Db 1955 TTGAATTTCTTCAAATTAATCTCAATCTGATTTAGATTTATACAGGAAACAAACATAGAAA 2014
QY 2000 CTATCCAAACAAAAATTAATTAATTTTTCACAAATCATACAAA 2043
Db 2015 AATCACAGAAAGGGTGAATGACCTTTATATGATTAACAAA 2058

```

RESULT 14  
 AB193814  
 LOCUS 3642 bp DNA linear BCT 28-OCT-2004  
 DEFINITION Bacillus thuringiensis gene for Cry30-1-like, hypothetical protein,  
 complete cds.  
 ACCESSION AB193814  
 VERSION AB193814.1 GI:54695304  
 KEYWORDS  
 SOURCE Bacillus thuringiensis  
 ORGANISM Bacillus thuringiensis  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus  
 cereus group.  
 REFERENCE 1



**AUTHORS** Ohgushi, A., Wasano, N., Saitoh, H. and Ohba, M.  
**TITLE** Identification and characterization of novel cry genes from an mosquito-specific *Bacillus thuringiensis* serovar Sotro strain  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 3642)  
**AUTHORS** Ohgushi, A., Wasano, N., Saitoh, H. and Ohba, M.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (26-OCT-2004) Akira Ohgushi, Kyushu University, Graduate School of Agriculture, 6-10-1, Hakozaki, Higashi-ku, Fukuoka, Fukuoka, 812-8581, Japan (E-mail: ohgushi@bbs.kyushu-u.ac.jp, Tel: 81-92-642-3028, Fax: 81-92-642-3028)  
**FEATURES**  
**Source**  
 1. .3642  
 /organism="Bacillus thuringiensis"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /strain="96-OK-85-24"  
 /serovar="Sotro"  
 /db\_xref="taxon:1428"  
 1. .2067  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=1  
 /product="Cry30-like"  
 /protein\_id="BAD67157.1"  
 /db\_xref="GI:54695305"  
 /translation="MNLYGNKNDSEILNASNSNGMSTYKPYPLASHRODSMMNY  
 KEMINOCETINPTCTPIDIDINSVAATGAGATLALIPGGGAIGFVLSPTSLPY  
 LMPSDTKKINGDPTKQGLQFLRPELGDALHITGNDIOSEINSLKTMQNPEDSPTTH  
 KRYNRATAVAVINDPSSVRDQILRLKDRFLINENKPAFLILYAQNPDLILYQSG  
 ALYADWENEDINRSIPLQSGDYIISIAKIKETLYKCAETKYNPSNLINKNTNISM  
 GYVNYKREYVTLGALDLALFNPYDICTYPTQTELRKYKMSFGLQSGYOSILE  
 GLENALHPPELFTWLBNLNLTYIRENPNPALVSSGLQASISRYONPRISNPO  
 GVRGCTPQIGLNLFYKLSLSQYHNPBCYSIAGISDMTFYKSDYNGNAPPTQYQ  
 AGRSNNPINTFMNGPQASSSNNISIKQTHLSIDIKMYSRGTGTPSPIDESTRA  
 WTHTSVNPDLIVPNRTQIIPAVADYLTSPAKYIAGBGMGSDVALLNATAGRA  
 QIQCKTSGFASRGRIRIRYANMALTVSLSTVOGNTMSTTFITERFPLPNPT  
 IPTDLKEEFYKEYNOIITWTAPQNTIVITAIQLNALFPDQIILIRIEFPMQCY  
 VPCVTN"  
 2182. .3642  
 /gene="82orf2"  
 2182. .3642  
 /gene="82orf2"  
 /codon\_start=1  
 /transl\_table=1  
 /product="hypothetical protein"  
 /protein\_id="BAD67158.1"  
 /db\_xref="GI:54695306"  
 /translation="MFTSGGKMLKLETTDEIDKMANVYKMSDEQYORQKMQND  
 IKYAKLSOANLQNGDFEDLFGMTSSNQMSIQADNATFGKGYLHMSGARDYGTI  
 FPTYIYOKIDESKLPYTRYLVGFGVSSKDLLEVWHEGKEIDTVANVPNDIPYVS  
 MPVCEIYDGEQCPYNGNVGYNPMPTVSTSYSDAQCPKPKKHYVCHDSHPKXH  
 IDICEVDNTNLGIWVLFKISSPDGYATLDLVEIESPVGKALTHVKQKCKMNQO  
 MEKRMETKQAYDAKQAVDALFTGEBELNVTLSHKNNADLVQSLPYVNEMLRV  
 PGMYADYOEIENARIMQASLYLDARNVITNENFAGQGLMGABEKVEQOANGTIVY  
 LSNSSGISQELNARHOHGYLLRVSAKESGKGYVTLMGNGKKEITLFTSSCDGYI  
 TKTYVEPESRVRVIEIGETSGFYVESIELKAGS"  
**ORIGIN**  
 Query Match 8.2%; Score 170; DB 1; Length 3642;  
 Best Local Similarity 49.7%; Pred. No. 6.8e-14;  
 Matches 826; Conservative 0; Mismatches 750; Indels 88; Gaps 12;

Qy 596 ATATACATCTTCACAAATTGAACCTATATGCTGGACATGATGACTATATTAACCTT 655  
 |||||  
 Db 683 ATATATATGATGATATATCTCCACTTTGGGT-----TAAAGACATATATATCTT 736  
 |||||  
 Qy 656 TAAAGAAATATATCTTAATATATGTAATATGTAATATGTAATATGTAATATGTA 715  
 |||||  
 Db 737 TAGCAGCGAAATATTAAGATATATCTTAATATGTAATATGTAATATGTAATATGTA 796  
 |||||  
 Qy 716 ATAACTCGAAACGAACCTAATATGAGATGATATTAATGATATGAGATATA 775  
 |||||  
 Db 797 ATATACCTCAAAAACAAACGAATATCTCTGGGGTACGTATATTAATATGTAAGAG 856  
 |||||  
 Qy 776 TGAATATATCTGATATGATATCTATCTGCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACA 835  
 |||||  
 Db 857 TGACTTTAGGTGATTTGATTTAGTGTGATTTGTCCTCGGANTATGATATGATATTC 916  
 |||||  
 Qy 836 AAGATCAATGAGAGATATGTTGCTTAATAAAGCTTAACGAATTAAGAAATTTATACA 895  
 |||||  
 Db 917 CAATACAAACAAACGAACCTTACTGAAAAGTTATATGCCATCATTTGGTTTACAC 976  
 |||||  
 Qy 896 CTGAAATTAATTTGACCGCTTATCTTACTGAAATTCACACCAATCTGCTATATG 955  
 |||||  
 Db 977 AATGAACTCTTTCAAGCTTAGAGAGGTTAGAAAACGACCTTACACACCCCATCAT 1036  
 |||||  
 Qy 956 AATTAATTTAACAAGTTCAGGGCTTAGATTAATTTCAATTTTATGATGAACCTTATTT 1015  
 |||||  
 Db 1037 TATTTACTT-----GTTAAACGAATTAACCTTTATATCATGCTGAAATTT 1085  
 |||||  
 Qy 1016 ATACAAATAATGAAACCTAGCGGATGTTAGTTGATATGCAATCGTATATGATCTA 1075  
 |||||  
 Db 1086 CAATCCAGCTTACGTGATCTTATCTGCTGCTGCTTCAAGCATATCTGTTATACCA 1145  
 |||||  
 Qy 1076 CTATGCTAGACAGGAATCTGAATTTATATGAGAAAGAACGCTCCACCAACAA 1135  
 |||||  
 Db 1146 -AATTCAAATAGAAATTTCTAATCCGCTCAGAGAGCAGAAATGTAACCAACAA 1204  
 |||||  
 Qy 1136 AACTTAATACATTTGAATTCCTATTAAGATTTCAATTTGTAATGATAGACAAATGATC 1195  
 |||||  
 Db 1205 TAGGTTAAATTAATCTTTGTTTATTAATATATCATCTGCAATATCATATCAATG 1264  
 |||||  
 Qy 1196 CTACTCCCTTTCTTCAATACATATCTTCAATTAATCAATTAATGAACCTTATTAATA 1255  
 |||||  
 Db 1265 AGGTATTTCAATATGCTGGAATTTCCGATATGACCTTTTAAAGATATATATGGA 1324  
 |||||  
 Qy 1256 ATTCACCTAGTAATTAATTAATCAATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATATATAAAA 1315  
 |||||  
 Db 1325 ATGACCCCAACATCA--AACTTATCAAGAGGATAGAACTCAATTAATTTCAATATA 1381  
 |||||  
 Qy 1316 CAATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGCTGAACCAATATTAATCAATGTT 1375  
 |||||  
 Db 1382 CA-----TTATGATATGCTCACAGAGAGCTCAAGCTCAATATATATTTCCATTAAC 1435  
 |||||  
 Qy 1376 TACCAAGCTAATATGATATATAGTATATTTATATCCAGTTTCTTTATTAATATCT 1435  
 |||||  
 Db 1436 AAACAAATCAATATCTATGATATTA-----AATGATATATCTC 1477  
 |||||  
 Qy 1436 ATAAATTTGATATGCGCTAATATATATATATATACAGGTGATTAAGATGACACAGTA 1495  
 |||||  
 Db 1478 GAATGCGGGAACATACCATATATATATTTGATATTTCTTTGCTGGACACACATA 1537  
 |||||  
 Qy 1496 GTGTTATTAAGAAATATGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1555  
 |||||  
 Db 1538 GTGTAATCTGATATATCTATATTTGTTCCAAATATAGATTAACAAATTCCTGCTGTAAG 1597  
 |||||  
 Qy 1556 GTAACAGCTTGATATCAAACTCTAAGGTAATTTGAAGACCTGTATATACAGAGAAACT 1615  
 |||||  
 Db 1598 CTGACTTTTGAATCTGACAGCTTAAGTAATTTGGGGGCGGTGATATACAGAGAGATT 1657  
 |||||  
 Qy 1616 TGGTTTATTAACAAGTCAAGGGCGTTAGATTT-----ACAT 1654  
 |||||  
 Db 1658 TAGTGTCTCTTCTAAGCGTCTACTCAAGCGGTAGAAATGCAATCGATATTAACAG 1717  
 |||||  
 Qy 1655 GTAGACTCTTAATTTACAAATCTTATATCATTAAGACTTGATAGCTCAATAGGTG 1714  
 |||||



